

PCTWELTORGANISATION FÜR GEISTIGES EIGENTUM
Internationales BüroINTERNATIONALE ANMELDUNG VERÖFFENTLICHT NACH DEM VERTRAG ÜBER DIE
INTERNATIONALE ZUSAMMENARBEIT AUF DEM GEBIET DES PATENTWESENS (PCT)

(51) Internationale Patentklassifikation 6 :

C12N 15/12, C07K 14/47, 16/18, A61K 38/17**A2**(11) Internationale Veröffentlichungsnummer: **WO 99/47669**

(43) Internationales

Veröffentlichungsdatum:

23. September 1999 (23.09.99)

(21) Internationales Aktenzeichen: **PCT/DE99/00908**(22) Internationales Anmeldedatum: **19. März 1999 (19.03.99)**

(30) Prioritätsdaten:

198 13 839.3

20. März 1998 (20.03.98)

DE(71) Anmelder (für alle Bestimmungsstaaten ausser US): **METAGEN GESELLSCHAFT FÜR GENOMFORSCHUNG MBH [DE/DE]; Ihnestrassc 63, D-14195 Berlin (DE).**

(72) Erfinder; und

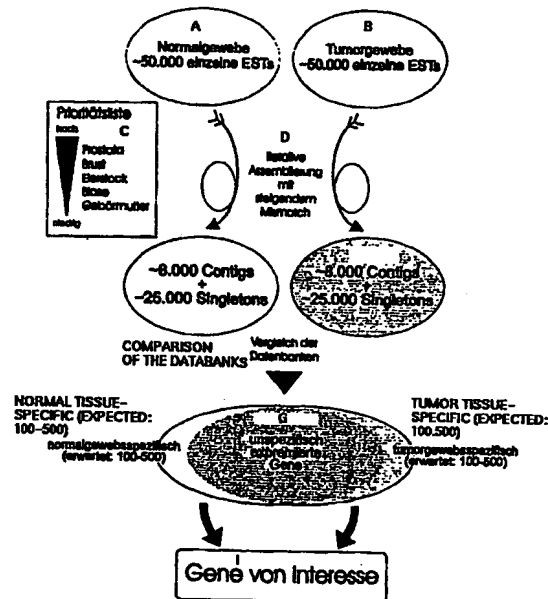
(75) Erfinder/Anmelder (nur für US): **SPECHT, Thomas [DE/DE]; Grabenstrasse 14, D-12209 Berlin (DE). HINZMANN, Bernd [DE/DE]; Parkstrasse 19, D-13127 Berlin (DE). SCHMITT, Armin [DE/DE]; Laubacher Strasse 6/II, D-14197 Berlin (DE). PILARSKY, Christian [DE/DE]; Heinrich-Lange-Strasse 13c, D-01474 Schönfeld-Weißig (DE). DAHL, Edgar [DE/DE]; Eleonore-Procheska-Strasse 6, D-14480 Potsdam (DE). ROSENTHAL, André [DE/DE]; Koppenplatz 10, D-10115 Berlin (DE).**(81) Bestimmungsstaaten: **JP, US, europäisches Patent (AT, BE, CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE).****Veröffentlicht***Ohne internationalen Recherchenbericht und erneut zu veröffentlichen nach Erhalt des Berichts.*(54) Title: **HUMAN NUCLEIC ACID SEQUENCES FROM TISSUE OF BREAST TUMORS**(54) Bezeichnung: **MENSCHLICHE NUKLEINSÄURESEQUENZEN AUS BRUSTTUMORGeweBE**

(57) Abstract

The invention relates to human nucleic acid sequences, mRNA, cDNA, genomic sequences, from tissue of breast tumors which code for gene products or parts thereof, and to the use of said nucleic acid sequences. The invention also relates to the polypeptides obtained from the sequences and to the use thereof.

(57) Zusammenfassung

Es werden menschliche Nukleinsäuresequenzen – mRNA, cDNA, genomische Sequenzen – aus Brusttumorgewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren und deren Verwendung beschrieben. Es werden weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung beschrieben.



A... NORMAL TISSUE 50.000 INDIVIDUAL ESTs
B... TUMOR TISSUE 50.000 INDIVIDUAL ESTs
C... PRIORITY LIST
HIGH
PROSTATE
BREAST
OVARY
BLADDER
UTERUS
LOW
D... ITERATIVE ASSEMBLING WITH INCREASING MISMATCH
G... UNSPECIFICALLY EXPRESSED GENES
L... GENES OF INTEREST

LEDIGLICH ZUR INFORMATION

Codes zur Identifizierung von PCT-Vertragsstaaten auf den Kopfbögen der Schriften, die internationale Anmeldungen gemäss dem PCT veröffentlichen.

AL	Albanien	ES	Spanien	LS	Lesotho	SI	Slowenien
AM	Armenien	FI	Finnland	LT	Litauen	SK	Slowakei
AT	Österreich	FR	Frankreich	LU	Luxemburg	SN	Senegal
AU	Australien	GA	Gabun	LV	Lettland	SZ	Swasiland
AZ	Aserbaidschan	GB	Vereinigtes Königreich	MC	Monaco	TD	Tschad
BA	Bosnien-Herzegowina	GE	Georgien	MD	Republik Moldau	TG	Togo
BB	Barbados	GH	Ghana	MG	Madagaskar	TJ	Tadschikistan
BE	Belgien	GN	Guinea	MK	Die ehemalige jugoslawische Republik Mazedonien	TM	Turkmenistan
BF	Burkina Faso	GR	Griechenland			TR	Türkei
BG	Bulgarien	HU	Ungarn	ML	Mali	TT	Trinidad und Tobago
BJ	Benin	IE	Irland	MN	Mongolei	UA	Ukraine
BR	Brasilien	IL	Israel	MR	Mauretanien	UG	Uganda
BY	Belarus	IS	Island	MW	Malawi	US	Vereinigte Staaten von Amerika
CA	Kanada	IT	Italien	MX	Mexiko	UZ	Usbekistan
CF	Zentralafrikanische Republik	JP	Japan	NE	Niger	VN	Vietnam
CG	Kongo	KE	Kenia	NL	Niederlande	YU	Jugoslawien
CH	Schweiz	KG	Kirgisistan	NO	Norwegen	ZW	Zimbabwe
CI	Côte d'Ivoire	KP	Demokratische Volksrepublik Korea	NZ	Neuseeland		
CM	Kamerun			PL	Polen		
CN	China	KR	Republik Korea	PT	Portugal		
CU	Kuba	KZ	Kasachstan	RO	Rumänien		
CZ	Tschechische Republik	LC	St. Lucia	RU	Russische Föderation		
DE	Deutschland	LI	Liechtenstein	SD	Sudan		
DK	Dänemark	LK	Sri Lanka	SE	Schweden		
EE	Estland	LR	Liberia	SG	Singapur		

Menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Brusttumorgewebe

- Die Erfindung betrifft menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Brusttumorgewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, deren funktionale Gene, die mindestens ein biologisch aktives Polypeptid kodieren und deren Verwendung.
Die Erfindung betrifft weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung.
- 5
- 10 Eine der Haupttodesursachen bei Frauen ist der Brustkrebs, für dessen Bekämpfung neue Therapien notwendig sind. Bisher verwendete Therapien, wie z.B. Chemotherapie, Hormontherapie oder chirurgische Entfernung des Tumorgewebes, führen häufig nicht zu einer vollständigen Heilung.
- 15 Das Phänomen Krebs geht häufig einher mit der Über- oder Unterexpression gewisser Gene in den entarteten Zellen, wobei noch unklar ist, ob diese veränderten Expressionsraten Ursache oder Folge der malignen Transformation sind. Die Identifikation solcher Gene wäre ein wesentlicher Schritt für die Entwicklung neuer Therapien gegen Krebs. Der spontanen Entstehung von Krebs geht häufig eine Vielzahl von Mutationen voraus. Diese können verschiedenste Auswirkungen auf das
- 20 Expressionsmuster in dem betroffenen Gewebe haben, wie z.B. Unter- oder Überexpression, aber auch Expression verkürzter Gene. Mehrere solcher Veränderungen durch solche Mutationskaskaden können schließlich zu bösartigen Entartungen führen. Die Komplexität solcher Zusammenhänge erschwert die
- 25 experimentelle Herangehensweise sehr.
- Für die Suche nach Tumor-bezogenen Kandidatengenen, d.h. Genen, die als Ursache für oder als Folge von bösartigen Entartungen normalen, menschlichen Gewebes angesehen werden können, wird eine Datenbank verwendet, die aus sogenannten ESTs besteht. ESTs (Expressed Sequence Tags) sind Sequenzen von cDNAs, d.h. revers
- 30 transkribierten mRNAs, den Molekülen also, die die Expression von Genen widerspiegeln. Die EST-Sequenzen werden für normale und entartete Gewebe ermittelt. Solche Datenbanken werden von verschiedenen Betreibern z.T. kommerziell angeboten. Die ESTs der LifeSeq-Datenbank, die hier verwendet wird, sind in der Regel
- 35 zwischen 150 und 350 Nukleotide lang. Sie representieren ein für ein bestimmtes Gen unverkennbares Muster, obwohl dieses Gen normalerweise sehr viel länger ist (> 2000 Nukleotide). Durch Vergleich der Expressionsmuster von normalen und Tumorgewebe können ESTs identifiziert werden, die für die Tumorentstehung und -proliferation wichtig sind. Es besteht jedoch folgendes Problem: Da durch unterschiedliche Konstruktionen
- 40 der cDNA-Bibliotheken die gefundenen EST-Sequenzen zu unterschiedlichen Regionen eines unbekannten Gens gehören können, ergäbe sich in einem solchen Fall ein völlig falsches Verhältnis des Vorkommens dieser ESTs in dem jeweiligen Gewebe. Dieses würde erst bemerkt werden, wenn das vollständige Gen bekannt ist und somit die ESTs dem gleichen Gen zugeordnet werden können.
- 45 Es wurde nun gefunden, daß diese Fehlermöglichkeit verringert werden kann, wenn zuvor sämtliche ESTs aus dem jeweiligen Gewebstyp assembliert werden, bevor die Expressionsmuster miteinander verglichen werden. Es wurden also überlappende ESTs ein und desselben Gens zu längeren Sequenzen zusammengefaßt (s. Fig. 1, Fig. 2a und Fig.3). Durch diese Verlängerung und damit Abdeckung eines wesentlich größeren
- 50 Genbereichs in jeder der jeweiligen Banken sollte der oben beschriebene Fehler weitgehendst vermieden werden. Da es hierzu keine bestehenden Softwareprodukte

gab, wurden Programme für das Assemblieren von genomischen Abschnitten verwendet, die abgewandelt eingesetzt und durch eigene Programme ergänzt wurden. Ein Flowchart der Assemblierungsprozedur ist in Fig. 2b1 – 2b4 dargestellt.

- 5 Es konnten nun die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 2-67, 149-161, 201-202 gefunden werden, die als Kandidatengene beim Brusttumor eine Rolle spielen.

10 Von besonderem Interesse sind die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 3, 7, 9, 15, 17, 18, 21, 25, 27, 33, 35, 36, 38, 39, 40, 42, 43, 44, 46, 47, 48, 50, 51, 52, 53, 54, 55, 57, 58, 59, 61, 62, 63, 65, 66, 67, 150-153, 155-159, 160-161.

Die Erfindung betrifft somit Nukleinsäure-Sequenzen, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodieren, umfassend

- 15 a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 3, 7, 9, 15, 17, 18, 21, 25, 27, 33, 35, 36, 38, 39, 40, 42, 43, 44, 46, 47, 48, 50, 51, 52, 53, 54, 55, 57, 58, 59, 61, 62, 63, 65, 66, 67, 150-153, 155-159, 160-161

- 20 b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen

25 oder

- 30 c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.

35 Die Erfindung betrifft weiterhin eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq. ID No 3, 7, 9, 15, 17, 18, 21, 25, 27, 33, 35, 36, 38, 39, 40, 42, 43, 44, 46, 47, 48, 50, 51, 52, 53, 54, 55, 57, 58, 59, 61, 62, 63, 65, 66, 67, 150-153, 155-159, 160-161 oder eine komplementäre oder allelische Variante davon und die Nukleinsäure-Sequenzen davon, die eine 90%ige bis 95% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweisen.

40 Die Erfindung betrifft auch die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 2 bis Seq. ID No. 67 sowie Seq. ID No. 149 bis Seq. ID. 161 und Seq ID. 201 -202, die im Brusttumorgewebe erhöht exprimiert sind

45 Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, umfassend einen Teil der oben genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen Seq. ID No 3, 7, 9, 15, 17, 18, 21, 25, 27, 33, 35, 36, 38, 39, 40, 42, 43, 44, 46, 47, 48, 50, 51, 52, 53, 54, 55, 57, 58, 59, 61, 62, 63, 65, 66, 67, 150-153, 155-159, 160-161 hybridisieren.

50 Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen weisen im allgemeinen eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp, vorzugsweise eine Länge von mindestens 150 bis 4000 bp, insbesondere eine Länge von 450 bis 3500 bp auf.

5 Mit den erfindungsgemäßen Teilsequenzen Seq. ID No 3, 7, 9, 15, 17, 18, 21, 25, 27, 33, 35, 36, 38, 39, 40, 42, 43, 44, 46, 47, 48, 50, 51, 52, 53, 54, 55, 57, 58, 59, 61, 62, 63, 65, 66, 67, 150-153, 155-159, 160-161 können gemäß gängiger Verfahrenspraxis auch Expressionskassetten konstruiert werden, wobei auf der Kassette mindestens eine der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen zusammen mit mindestens einer dem Fachmann allgemein bekannten Kontroll- oder regulatorischen Sequenz, wie z. B. einem geeigneten Promotor, kombiniert wird. Die erfindungsgemäßen Sequenzen können in sense oder antisense Orientierung eingefügt sein.

10 In der Literatur sind ist eine große Anzahl von Expressionskassetten bzw. Vektoren und Promotoren bekannt, die verwendet werden können.

15 Unter Expressionskassetten bzw. Vektoren sind zu verstehen: 1. bakterielle, wie z. B., phagescript, pBs, ϕ X174, pBluescript SK, pBs KS, pNH8a, pNH16a, pNH18a, pNH46a (Stratagene), pTrc99A, pKK223-3, pKK233-3, pDR540, pRIT5 (Pharmacia), 2. eukaryontische, wie z. B. pWLneo, pSV2cat, pOG44, pXT1, pSG (Stratagene), pSVK3, pBPV, pMSG, pSVL (Pharmacia).

20 Unter Kontroll- oder regulatorischer Sequenz sind geeignete Promotoren zu verstehen. Hierbei sind zwei bevorzugte Vektoren der pKK232-8 und der PCM7 Vektor. Im einzelnen sind folgende Promotoren gemeint: lacI, lacZ, T3, T7, gpt, lambda P_R, trc, CMV, HSV Thymidin-Kinase, SV40, LTRs aus Retrovirus und Maus Metallothionein-I.

25 Die auf der Expressionskassette befindlichen DNA-Sequenzen können ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.

30 Die Expressionskassetten sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Fragmente können zur Herstellung von Vollängen-Genen verwendet werden. Die erhältlichen Gene sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

35 Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, sowie die aus der Verwendung erhältlichen Gen-Fragmente.

40 Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können mit geeigneten Vektoren in Wirtszellen gebracht werden, in denen als heterologer Teil die auf den Nukleinsäure-Fragmenten enthaltene genetischen Information befindet, die exprimiert wird.

Die die Nukleinsäure-Fragmente enthaltenden Wirtszellen sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

45 Geeignete Wirtszellen sind z. B. prokaryontische Zellsysteme wie E. coli oder eukaryontische Zellsysteme wie tierische oder humane Zellen oder Hefen.

50 Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können in sense oder antisense Form verwendet werden.

Die Herstellung der Polypeptide oder deren Fragment erfolgt durch Kultivierung der Wirtszellen gemäß gängiger Kultivierungsmethoden und anschließender Isolierung und Aufreinigung der Peptide bzw. Fragmente, ebenfalls mittels gängiger Verfahren.
Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodieren.

Ferner betrifft die vorliegende Erfindung Polypeptid-Teilsequenzen, sogenannte ORF (open-reading-frame)-Peptide, gemäß den Sequenzprotokollen Seq. ID No 71-79, 81-117, 119-121, 123, 126, 128-147, 162-168, 172, 174, 177-180, 183-185, 187, 190, 192-198.

Die Erfindung betrifft ferner die Polypeptid-Sequenzen, die mindestens eine 80%ige Homologie, insbesondere eine 90%ige Homologie zu den erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen der Seq. ID No 71-79, 81-117, 119-121, 123, 126, 128-147, 162-168, 172, 174, 177-180, 183-185, 187, 190, 192-198.

Die Erfindung betrifft auch Antikörper, die gegen ein Polypeptid oder Fragment davon gerichtete sind, welche von den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No 71-79, 81-117, 119-121, 123, 126, 128-147, 162-168, 172, 174, 177-180, 183-185, 187, 190, 192-198 kodiert werden.

Unter Antikörper sind insbesondere monoklonale Antikörper zu verstehen.

Die erfindungsgemäßen Polypeptide der Sequenzen Seq. ID No 71-79, 81-117, 119-121, 123, 126, 128-147, 162-168, 172, 174, 177-180, 183-185, 187, 190, 192-198 können auch als Tool zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Brustkrebs verwendet werden, was ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist.

Ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist die Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No 3, 7, 9, 15, 17, 18, 21, 25, 27, 33, 35, 36, 38, 39, 40, 42, 43, 44, 46, 47, 48, 50, 51, 52, 53, 54, 55, 57, 58, 59, 61, 62, 63, 65, 66, 67, 150-153, 155-159, 160-161 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Brustkrebs verwendet werden können.

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der gefundenen Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No 71-79, 81-117, 119-121, 123, 126, 128-147, 162-168, 172, 174, 177-180, 183-185, 187, 190, 192-198 zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung des Brustkrebses.

Die Erfindung betrifft auch Arzneimittel, die mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No 71-79, 81-117, 119-121, 123, 126, 128-147, 162-168, 172, 174, 177-180, 183-185, 187, 190, 192-198 enthalten.

Die gefundenen erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können auch genomische oder mRNA-Sequenzen sein.

Die Erfindung betrifft auch genomische Gene, ihre Exon- und Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No 3, 7, 9, 15, 17, 18, 21, 25, 27, 33, 35, 36, 38, 39, 40, 42, 43, 44, 46, 47, 48, 50, 51, 52, 53, 54, 55, 57, 58, 59, 61, 62, 63, 65, 66, 67, 150-153, 155-159, 160-161, sowie deren Verwendung

zusammen mit geeigneten regulativen Elementen, wie geeigneten Promotoren und/oder Enhancern.

- 5 Mit den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren (cDNA-Sequenzen) werden genomische BAC-, PAC- und Cosmid-Bibliotheken gescreent und über komplementäre Basenpaarung (Hybridisierung) spezifisch humane Klone isoliert. Die so isolierten BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden mit Hilfe der Fluoreszenz-in-situ-Hybridisation auf Metaphasenchromosomen hybridisiert und entsprechende Chromosomenabschnitte identifiziert, auf denen die entsprechenden genomischen Gene liegen. BAC-, PAC- und
- 10 Cosmid-Klone werden sequenziert, um die entsprechenden genomischen Gene in ihrer vollständigen Struktur (Promotoren, Enhancer, Silencer, Exons und Introns) aufzuklären. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone können als eigenständige Moleküle für den Gentransfer eingesetzt werden (s. Fig. 5).

- 15 Die Erfindung betrifft auch BAC-, PAC- und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID No 3, 7, 9, 15, 17, 18, 21, 25, 27, 33, 35, 36, 38, 39, 40, 42, 43, 44, 46, 47, 48, 50, 51, 52, 53, 54, 55, 57, 58, 59, 61, 62, 63, 65, 66, 67, 150-153, 155-159, 160-161 zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.

Bedeutungen von Fachbegriffen und Abkürzungen

5	Nukleinsäuren=	Unter Nukleinsäuren sind in der vorliegenden Erfindung zu verstehen: mRNA, partielle cDNA, volllänge cDNA und genomische Gene (Chromosomen).
	ORF =	Open Reading Frame, eine definierte Abfolge von Aminosäuren, die von der cDNA-Sequenz abgeleitet werden kann.
	Contig=	Eine Menge von DNA-Sequenzen, die aufgrund sehr großer Ähnlichkeiten zu einer Sequenz zusammengefaßt werden können (Consensus).
10	Singleton=	Ein Contig, der nur eine Sequenz enthält.
	Modul =	Domäne eines Proteins mit einer definierten Sequenz, die eine strukturelle Einheit darstellt und in unterschiedlichen Proteinen vorkommt
15		
	N =	wahlweise das Nukleotid A, T, G oder C
	X =	wahlweise eine der 20 natürlich vorkommenden Aminosäuren
20		

Erklärung zu den Alignmentparametern

25	minimal initial match=	minimaler anfänglicher Identitätsbereich
	maximum pads per read=	maximale Anzahl von Insertionen
	maximum percent mismatch=	maximale Abweichung in %
30		

Erklärung der Abbildungen

35	Fig. 1	zeigt die systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank.
	Fig. 2a	zeigt das Prinzip der EST-Assemblierung
	Fig. 2b1-2b4	zeigt das gesamte Prinzip der EST-Assemblierung
40	Fig. 3	zeigt die in silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben
	Fig. 4a	zeigt die Bestimmung der gewebsspezifischen Expression über elektronischen Northern.
45	Fig. 4b	zeigt den elektronischen Northern
	Fig. 5	zeigt die Isolierung von genomischen BAC- und PAC-Klonen.
50		

Die nachfolgenden Beispiele erläutern die Herstellung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, ohne die Erfindung auf diese Beispiele und Nukleinsäure-Sequenzen zu beschränken.

5

Beispiel 1

Suche nach Tumor-bezogenen Kandidatengen

10

Zuerst wurden sämtliche ESTs des entsprechenden Gewebes aus der LifeSeq-Datenbank (vom Oktober 1997) extrahiert. Diese wurden dann mittels des Programms GAP4 des Staden-Pakets mit den Parametern 0% mismatch, 8 pads per read und einem minimalen match von 20 assembliert. Die nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen (Fails) wurden erst bei 1% mismatch und dann nochmals bei 2% mismatch mit der Datenbank assembliert. Aus den Contigs der Datenbank, die aus mehr als einer Sequenz bestanden, wurden Consensussequenzen errechnet. Die Singletons der Datenbank, die nur aus einer Sequenz bestanden, wurden mit den nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen bei 2% mismatch erneut assembliert. Wiederum wurden für die Contigs die Consensussequenzen ermittelt. Alle übrigen ESTs wurden bei 4% mismatch erneut assembliert. Die Consensussequenzen wurden abermals extrahiert und mit den vorherigen Consensussequenzen sowie den Singletons und den nicht in die Datenbank aufgenommenen Sequenzen abschließend bei 4% mismatch assembliert. Die Consensussequenzen wurden gebildet und mit den Singletons und Fails als Ausgangsbasis für die Gewebsvergleiche verwendet. Durch diese Prozedur konnte sichergestellt werden, daß unter den verwendeten Parametern sämtliche Sequenzen von einander unabhängige Genbereiche darstellten.

15

20

25

30

Fig. 2b1-2b4 veranschaulicht die Verlängerung der Brusttumorgewebe ESTs.

35

Die so assemblierten Sequenzen der jeweiligen Gewebe wurden anschließend mittels des gleichen Programms miteinander verglichen (Fig. 3). Hierzu wurden erst alle Sequenzen des ersten Gewebes in die Datenbank eingegeben. (Daher war es wichtig, daß diese voneinander unabhängig waren.)

40

Dann wurden alle Sequenzen des zweiten Gewebes mit allen des ersten verglichen. Das Ergebnis waren Sequenzen, die für das erste bzw. das zweite Gewebe spezifisch waren, sowie welche, die in beiden vorkamen. Bei Letzteren wurde das Verhältnis der Häufigkeit des Vorkommens in den jeweiligen Geweben ausgewertet. Sämtliche, die Auswertung der assemblierten Sequenzen betreffenden Programme, wurden selbst entwickelt.

45

Alle Sequenzen, die mehr als viermal in jeweils einem der verglichenen Gewebe vorkamen, sowie alle, die mindestens fünfmal so häufig in einem der beiden Gewebe vorkamen wurden weiter untersucht. Diese Sequenzen wurden einem elektronischen Northern (s. Beispiel 2.1) unterzogen, wodurch die Verteilung in sämtlichen Tumor- und Normal-Geweben untersucht wurde (s. Fig. 4a und Fig. 4b). Die relevanten Kandidaten wurden dann mit Hilfe sämtlicher Incyte ESTs und allen ESTs öffentlicher Datenbanken verlängert (s. Beispiel 3). Anschließend wurden die Sequenzen und ihre Übersetzung in mögliche Proteine mit allen Nukleotid- und Proteindatenbanken verglichen, sowie auf mögliche, für Proteine kodierende Regionen untersucht.

50

Beispiel 2

Algorithmus zur Identifikation und Verlängerung von partiellen cDNA-Sequenzen mit verändertem Expressionsmuster

Im folgenden soll ein Algorithmus zur Auffindung über- oder unterexprimierter Gene erläutert werden. Die einzelnen Schritte sind der besseren Übersicht halber auch in einem Flußdiagramm zusammengefaßt (s. Fig. 4b).

2.1 Elektronischer Northern-Blot

Zu einer partiellen DNA-Sequenz *S*, z. B. einem einzelnen EST oder einem Contig von ESTs, werden mittels eines Standardprogramms zur Homologiesuche, z. B. BLAST (Altschul, S. F., Gish W., Miller, W., Myers, E. W. und Lipman, D. J. (1990) *J. Mol. Biol.*, 215, 403-410), BLAST2 (Altschul, S. F., Madden, T. L., Schäffer, A. A., Zhang, J., Zhang, Z., Miller, W. und Lipman, D. J. (1997) *Nucleic Acids Research* 25 3389-3402) oder FASTA (Pearson, W. R. und Lipman, D. J. (1988) *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 85 2444-2448), die homologen Sequenzen in verschiedenen nach Geweben geordneten (privaten oder öffentlichen) EST-Bibliotheken bestimmt. Die dadurch ermittelten (relativen oder absoluten) Gewebe-spezifischen Vorkommenshäufigkeiten dieser Partial-Sequenz *S* werden als elektronischer Northern-Blot bezeichnet.

2.1.1

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 2 gefunden, die 9x stärker im Brusttumorgewebe als im normalen Gewebe vorkommt.

Die mögliche Funktion dieses Genbereiches betrifft ein 17-kDa-Interferon-induzierbares Gen..

Das Ergebnis ist wie folgt:

Die mögliche Funktion dieses Genbereiches betrifft „macrophage migration inhibition factor related protein 14(MRP-14)“.

Das Ergebnis ist wie folgt:

5

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 5

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
10	Blase 0.0093	0.1508	0.0616	16.2223
	Brust 0.0013	0.0392	0.0340	29.4320
	Eierstock 0.0152	0.0000	undef	0.0000
15	Endokrines_Gewebe 0.0018	0.0027	0.6698	1.4930
	Gastrointestinal 0.0174	0.0048	3.8642	0.2729
	Gehirn 0.0051	0.0055	0.9239	1.0765
	Haematopoetisch 0.0993	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0249	0.0000	undef	0.0000
20	Hepatisch 0.0000	0.0129	0.0000	undef
	Herz 0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Lunge 0.0261	0.0307	0.8508	1.1753
	Magen-Speiserohre 0.1062	0.0230	4.6197	0.2165
25	Muskel-Skelett 0.0171	0.0180	0.9517	1.0508
	Niere 0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas 0.0114	0.0000	undef	0.0000
	Penis 0.1258	0.1600	0.7862	1.2720
	Prostata 0.0000	0.0000	undef	undef
30	Uterus 0.0826	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0036			
	Duennndarm 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
	Samenblase 0.0178			
35	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.1018			
	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
40	Entwicklung 0.0000			
	Gastrointestinal 0.0062			
	Gehirn 0.0000			
	Haematopoetisch 0.0000			
45	Herz-Blutgefuesse 0.0000			
	Lunge 0.0037			
	Niere 0.0000			
	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
50				
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0000			
55	Eierstock-Uterus 0.0000			
	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0052			
	Gastrointestinal 0.0122			
	Haematopoetisch 0.0057			
60	Haut-Muskel 0.0000			
	Hoden 0.0000			
	Lunge 0.0410			
	Nerven 0.0000			
	Prostata 0.0449			
65	Sinnesorgane 0.0000			

2.1.3.

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 16 gefunden, die 30x stärker im Brusttumorgewebe als im normalen Gewebe vorkommt.

Die mögliche Funktion dieses Genbereiches betrifft menschliches Tim23, welches im Proteintranslokase-Komplex der inneren mitochondrialen Membran lokalisiert ist. Das Ergebnis ist wie folgt:

10 Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 16

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
15	Blase	0.0046	0.0051	0.9092	1.0998
	Brust	0.0013	0.0153	0.0874	11.4458
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0091	0.0082	1.1163	0.8958
	Gastrointestinal	0.0116	0.0095	1.2214	0.8187
20	Gehirn	0.0076	0.0055	1.3934	0.7177
	Haematopoetisch	0.0084	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0199	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0198	0.0065	3.0606	0.3267
	Herz	0.0106	0.0000	undef	0.0000
25	Hoden	0.0183	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0100	0.0024	4.2137	0.2373
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5710	1.7513
	Niere	0.0030	0.0000	undef	0.0000
30	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0048	0.0085	0.5593	1.7879
	Uterus	0.0017	0.0071	0.2321	4.3088
	Brust-Hyperplasie	0.0073			
35	Duennndarm	0.0031			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
40	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0154			
	Gastrointestinal	0.0000			
45	Gehirn	0.0125			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0041			
	Lunge	0.0111			
	Niere	0.0000			
50	Prostata	0.0499			
	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
55	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0068			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0064			
	Gastrointestinal	0.0244			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0156			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0030			
	Prostata	0.0000			
65	Sinnesorgane	0.0000			

In analoger Verfahrensweise wurden auch folgende Northern gefunden:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 3

5					
		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0046	0.0128	0.3637	2.7495
10	Brust	0.0067	0.0174	0.3822	2.6162
	Eierstock	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0082	0.2233	4.4791
	Gastrointestinal	0.0039	0.0048	0.8143	1.2281
	Gehirn	0.0339	0.0110	3.0964	0.3230
15	Haematopoetisch	0.0112	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0149	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0064	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0183	0.0000	undef	0.0000
20	Lunge	0.0137	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0153	0.6300	1.5874
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0120	0.7138	1.4010
	Niere	0.0030	0.0342	0.0868	11.5165
	Pankreas	0.0057	0.0110	0.5143	1.9446
25	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0024	0.0085	0.2797	3.5758
	Uterus	0.0116	0.0071	1.6246	0.6155
	Brust-Hyperplasie	0.0036			
	Duenndarm	0.0093			
30	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0092			
40	Gehirn	0.0188			
	Haematopoetisch	0.0079			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0000			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0204			
	Eierstock-Uterus	0.0091			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0093			
55	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0227			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
60	Nerven	0.0291			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
65					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 4

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0093		0.0256		0.3637	2.7495
	Brust	0.0133		0.0283		0.4704	2.1256
	Eierstock	0.0091		0.0104		0.8765	1.1409
10	Endokrines_Gewebe	0.0274		0.0490		0.5582	1.7916
	Gastrointestinal	0.0116		0.0095		1.2214	0.8187
	Gehirn	0.0212		0.0164		1.2902	0.7751
	Haematopoetisch	0.0084		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0348		0.0000		undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0149		0.0259		0.5739	1.7426
	Herz	0.0191		0.0137		1.3873	0.7208
	Hoden	0.0122		0.0000		undef	0.0000
	Lunge	0.0162		0.0165		0.9782	1.0223
	Magen-Speiserohre	0.0290		0.0153		1.8899	0.5291
20	Muskel-Skelett	0.0069		0.0120		0.5710	1.7513
	Niere	0.0178		0.0068		2.6050	0.3839
	Pankreas	0.0038		0.0221		0.1714	5.8337
	Penis	0.0180		0.0000		undef	0.0000
	Prostata	0.0214		0.0234		0.9152	1.0926
25	Uterus	0.0182		0.0214		0.8510	1.1751
	Brust-Hyperplasie	0.0073					
	Duenn darm	0.0218					
	Prostata-Hyperplasie	0.0357					
	Samenblase	0.0178					
30	Sinnesorgane	0.0118					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0218					
FOETUS							
35	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0154					
	Gehirn	0.0125					
	Haematopoetisch	0.0000					
40	Herz-Blutgefuesse	0.0123					
	Lunge	0.0111					
	Niere	0.0124					
	Prostata	0.0499					
	Sinnesorgane	0.0000					
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0000					
50	Eierstock-Uterus	0.0183					
	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0076					
	Gastrointestinal	0.0488					
	Haematopoetisch	0.0000					
55	Haut-Muskel	0.0259					
	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0000					
	Nerven	0.0090					
	Prostata	0.0128					
60	Sinnesorgane	0.0000					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 6

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5					
	Blase	0.0000	0.0102	0.0000	undef
	Brust	0.0053	0.0196	0.2718	3.6790
10	Eierstock	0.0061	0.0052	1.1686	0.8557
	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0027	0.6698	1.4930
	Gastrointestinal	0.0039	0.0095	0.4071	2.4562
	Gehirn	0.0076	0.0033	2.3223	0.4306
	Haematopoetisch	0.0042	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0099	0.0129	0.7651	1.3069
	Herz	0.0064	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0017	0.0000	undef
	Lunge	0.0050	0.0142	0.3511	2.8478
20	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0230	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0119	0.0137	0.8683	1.1517
	Pankreas	0.0038	0.0055	0.6857	1.4584
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
25	Prostata	0.0167	0.0128	1.3051	0.7662
	Uterus	0.0033	0.0142	0.2321	4.3088
	Brust-Hyperplasie	0.0036			
	Duenn darm	0.0062			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
30	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
35					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0154			
	Gastrointestinal	0.0062			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0041			
	Lunge	0.0037			
	Niere	0.0062			
	Prostata	0.0249			
45	Sinnesorgane	0.0000			
50					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0023			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0047			
	Gastrointestinal	0.0122			
55	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
60	Prostata	0.0256			
	Sinnesorgane	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 7

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0186		0.0051		3.6370	0.2750
	Brust	0.0147		0.0261		0.5606	1.7838
	Eierstock	0.0182		0.0234		0.7791	1.2836
10	Endokrines_Gewebe	0.0456		0.0245		1.8605	0.5375
	Gastrointestinal	0.0233		0.0190		1.2214	0.8187
	Gehirn	0.0314		0.0230		1.3639	0.7332
	Haematopoetisch	0.0196		0.0378		0.5175	1.9325
	Haut	0.0199		0.0000		undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0050		0.0388		0.1275	7.8416
	Herz	0.0328		0.0275		1.1947	0.8371
	Hoden	0.0183		0.0351		0.5224	1.9144
	Lunge	0.0149		0.0284		0.5267	1.8986
	Magen-Speiserohre	0.0193		0.0460		0.4200	2.3811
20	Muskel-Skelett	0.0223		0.0480		0.4639	2.1554
	Niere	0.0208		0.0205		1.0130	0.9871
	Pankreas	0.0246		0.0055		4.4569	0.2244
	Penis	0.0449		0.0267		1.6846	0.5936
	Prostata	0.0167		0.0383		0.4350	2.2987
25	Uterus	0.0231		0.0214		1.0831	0.9233
	Brust-Hyperplasie	0.0109					
	Duenn darm	0.0125					
	Prostata-Hyperplasie	0.0357					
	Samenblase	0.0356					
30	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0165					
		FOETUS					
		%Haeufigkeit					
35	Entwicklung	0.0307					
	Gastrointestinal	0.0247					
	Gehirn	0.0375					
	Haematopoetisch	0.0118					
	Herz-Blutgefuesse	0.0204					
40	Lunge	0.0225					
	Niere	0.0185					
	Prostata	0.0249					
	Sinnesorgane	0.0279					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
		%Haeufigkeit					
45	Brust	0.0068					
	Eierstock-Uterus	0.0068					
	Endokrines_Gewebe	0.0000					
50	Foetal	0.0093					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0114					
	Haut-Muskel	0.0097					
	Hoden	0.0078					
55	Lunge	0.0082					
	Nerven	0.0100					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0155					
60							

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 8

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0139	0.0281	0.4959	2.0163
	Brust	0.0080	0.0414	0.1931	5.1778
10	Eierstock	0.0122	0.0260	0.4674	2.1393
	Endokrines_Gewebe	0.0274	0.0354	0.7728	1.2940
	Gastrointestinal	0.0252	0.0333	0.7561	1.3226
	Gehirn	0.0237	0.0175	1.3547	0.7382
	Haematopoetisch	0.0098	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0149	0.1693	0.0881	11.3508
	Hepatisch	0.0149	0.0129	1.1477	0.8713
	Herz	0.0381	0.0412	0.9249	1.0812
	Hoden	0.0183	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0174	0.0615	0.2836	3.5259
20	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0383	0.2520	3.9685
	Muskel-Skelett	0.0171	0.0180	0.9517	1.0508
	Niere	0.0208	0.0548	0.3799	2.6323
	Pankreas	0.0284	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0180	0.1066	0.1685	5.9360
25	Prostata	0.0119	0.0213	0.5593	1.7879
	Uterus	0.0116	0.0285	0.4061	2.4622
	Brust-Hyperplasie	0.0109			
	Duenn darm	0.0374			
	Prostata-Hyperplasie	0.0386			
30	Samenblase	0.0356			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0113			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0307			
	Gastrointestinal	0.0216			
	Gehirn	0.0188			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Herz-Blutgefuesse	0.0245			
	Lunge	0.0259			
	Niere	0.0062			
	Prostata	0.0748			
45	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0068			
	Eierstock-Uterus	0.0205			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0233			
	Gastrointestinal	0.0366			
55	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0615			
	Hoden	0.0078			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0181			
60	Prostata	0.0192			
	Sinnesorgane	0.0387			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 9

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0046		0.0128		0.3637	2.7495
	Brust	0.0053		0.0218		0.2446	4.0878
	Eierstock	0.0122		0.0026		4.6745	0.2139
10	Endokrines_Gewebe	0.0036		0.0109		0.3349	2.9861
	Gastrointestinal	0.0213		0.0048		4.4784	0.2233
	Gehirn	0.0051		0.0000		undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0028		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0348		0.0000		undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0297		0.0000		undef	0.0000
	Herz	0.0064		0.0137		0.4624	2.1624
	Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef
	Lunge	0.0324		0.0189		1.7118	0.5842
	Magen-Speiserohre	0.0000		0.0077		0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0017		0.0000		undef	0.0000
	Niere	0.0357		0.0000		undef	0.0000
	Pankreas	0.0208		0.0000		undef	0.0000
	Penis	0.0000		0.0000		undef	undef
	Prostata	0.0214		0.0085		2.5169	0.3973
25	Uterus	0.0050		0.0000		undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0145					
	Duenn darm	0.0031					
	Prostata-Hyperplasie	0.0178					
	Samenblase	0.0089					
30	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000					
		FOETUS					
		%Haeufigkeit					
35	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0062					
	Gehirn	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0039					
40	Herz-Blutgefuesse	0.0041					
	Lunge	0.0148					
	Niere	0.0000					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
45							
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
		%Haeufigkeit					
	Brust	0.0000					
50	Eierstock-Uterus	0.0068					
	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0058					
	Gastrointestinal	0.0244					
	Haematopoetisch	0.0000					
55	Haut-Muskel	0.0130					
	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0246					
	Nerven	0.0020					
	Prostata	0.0256					
60	Sinnesorgane	0.0000					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 11

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0139	0.0179	0.7793	1.2831
	Brust	0.0133	0.0414	0.3219	3.1067
	Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0073	0.0027	2.6791	0.3733
	Gastrointestinal	0.0058	0.0048	1.2214	0.8187
	Gehirn	0.0093	0.0153	0.6082	1.6441
	Haematopoetisch	0.0098	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0199	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0050	0.0129	0.3826	2.6139
	Herz	0.0085	0.0137	0.6166	1.6218
	Hoden	0.0061	0.0117	0.5224	1.9144
	Lunge	0.0237	0.0313	1.1120	0.8993
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0077	1.2599	0.7937
20	Muskel-Skelett	0.0103	0.0180	0.5710	1.7513
	Niere	0.0030	0.0479	0.0620	16.1231
	Pankreas	0.0038	0.0221	0.1714	5.8337
	Penis	0.0090	0.0533	0.1685	5.9360
	Prostata	0.0071	0.0085	0.8390	1.1919
25	Uterus	0.0050	0.0214	0.2321	4.3088
	Brust-Hyperplasie	0.0182			
	Duenn darm	0.0062			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0331			
FOETUS					
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0031			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0340			
50	Eierstock-Uterus	0.0023			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0057			
55	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0656			
	Nerven	0.0030			
	Prostata	0.0000			
60	Sinnesorgane	0.0387			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 12

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0093	0.0026	3.6370	0.2750
	Brust	0.0160	0.0545	0.2936	3.4065
	Eierstock	0.0061	0.0078	0.7791	1.2836
10	Endokrines_Gewebe	0.0091	0.0082	1.1163	0.8958
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0149	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0021	0.0275	0.0771	12.9744
	Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0089	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0048	0.0106	0.4475	2.2349
25	Uterus	0.0066	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0218			
	Duenn darm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0238			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0044			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0031			
	Gehirn	0.0125			
	Haematopoetisch	0.0039			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0074			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
45					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
50	Eierstock-Uterus	0.0046			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0041			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
55	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0070			
	Prostata	0.0128			
60	Sinnesorgane	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 13

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5	Blase	0.0186	0.0128	1.4548	0.6874
	Brust	0.0093	0.0283	0.3293	3.0366
	Eierstock	0.0122	0.0026	4.6745	0.2139
10	Endokrines_Gewebe	0.0237	0.0136	1.7414	0.5742
	Gastrointestinal	0.0271	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0068	0.0120	0.5630	1.7762
	Haematopoetisch	0.0084	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0198	0.0065	3.0606	0.3267
	Herz	0.0307	0.0275	1.1176	0.8948
	Hoden	0.0122	0.0234	0.5221	1.9144
	Lunge	0.0125	0.0047	2.6336	0.3797
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0230	1.2599	0.7937
20	Muskel-Skelett	0.0086	0.0180	0.4758	2.1015
	Niere	0.0119	0.0137	0.8683	1.1517
	Pankreas	0.0038	0.0166	0.2286	4.3753
	Penis	0.0539	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0214	0.0341	0.6292	1.5892
25	Uterus	0.0446	0.0142	3.1331	0.3192
	Brust-Hyperplasie	0.0036			
	Duennndarm	0.0093			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
	Samenblase	0.0534			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0104			
		FOETUS			
35	Entwicklung	0.0307			
	Gastrointestinal	0.0308			
	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0039			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0082			
	Lunge	0.0370			
	Niere	0.0062			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0204			
50	Eierstock-Uterus	0.0114			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0099			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0285			
55	Haut-Muskel	0.0130			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0110			
	Prostata	0.0128			
60	Sinnesorgane	0.0155			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 14

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Brust	0.0080	0.0261	0.3058	3.2702
	Eierstock	0.0061	0.0234	0.2597	3.8507
	Endokrines_Gewebe	0.0073	0.0163	0.4465	2.2395
10	Gastrointestinal	0.0078	0.0048	1.6285	0.6141
	Gehirn	0.0076	0.0077	0.9953	1.0047
	Haematopoetisch	0.0182	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0388	0.0000	undef
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0125	0.0165	0.7524	1.3290
	Magen-Speiserohre	0.0057	0.0153	0.6300	1.5874
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0149	0.0137	1.0854	0.9213
	Pankreas	0.0019	0.0055	0.3428	2.9168
	Penis	0.0090	0.0267	0.3369	2.9680
	Prostata	0.0524	0.0341	1.5381	0.6501
	Uterus	0.0066	0.0000	undef	0.0000
25	Brust-Hyperplasie	0.0036			
	Duennndarm	0.0062			
	Prostata-Hyperplasie	0.0386			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0235			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0113			
FOETUS					
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0154			
	Gastrointestinal	0.0092			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0041			
40	Lunge	0.0259			
	Niere	0.0247			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
		%Haeufigkeit			
45	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0183			
50	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0181			
	Gastrointestinal	0.0366			
	Haematopoetisch	0.0285			
	Haut-Muskel	0.0324			
55	Hoden	0.0078			
	Lunge	0.0246			
	Nerven	0.0020			
	Prostata	0.0705			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 17

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0046		0.0077		0.6062	1.6497
	Brust	0.0040		0.0240		0.1668	5.9954
	Eierstock	0.0030		0.0130		0.2337	4.2786
10	Endokrines_Gewebe	0.0018		0.0000		undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0271		0.0095		2.8499	0.3509
	Gehirn	0.0000		0.0000		undef	undef
	Haematopoetisch	0.0042		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0448		0.0000		undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000		0.0000		undef	undef
	Herz	0.0000		0.0000		undef	undef
	Hoden	0.0000		0.0234		0.0000	undef
	Lunge	0.0087		0.0071		1.3250	0.9137
	Magen-Speiserohre	0.0869		0.0230		3.7753	0.2646
20	Muskel-Skelett	0.0000		0.0000		undef	undef
	Niere	0.0000		0.0000		undef	undef
	Pankreas	0.0000		0.0000		undef	undef
	Penis	0.0180		0.0533		0.3369	2.9680
	Prostata	0.0048		0.0021		2.2373	0.4470
25	Uterus	0.0116		0.0000		undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000					
	Duenn darm	0.0125					
	Prostata-Hyperplasie	0.0000					
	Samenblase	0.0089					
30	Sinnesorgane	0.0118					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000					
		FOETUS					
35	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Gehirn	0.0000					
40	Haematopoetisch	0.0039					
	Herz-Blutgefuesse	0.0000					
	Lunge	0.0074					
	Niere	0.0000					
	Prostata	0.0000					
45	Sinnesorgane	0.0000					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
50	Brust	0.0000					
	Eierstock-Uterus	0.0000					
	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0000					
55	Haematopoetisch	0.0057					
	Haut-Muskel	0.0000					
	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0000					
	Nerven	0.0000					
60	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 18

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Brust	0.0027	0.0196	0.1359	7.3580
	Eierstock	0.0030	0.0208	0.1461	6.8457
10	Endokrines_Gewebe	0.0182	0.0109	1.6745	0.5972
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0051	0.0099	0.5161	1.9377
	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0050	0.0065	0.7651	1.3069
	Herz	0.0085	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0100	0.0071	1.4046	0.7120
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
20	Muskel-Skelett	0.0188	0.0060	3.1406	0.3184
	Niere	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis	0.0090	0.0533	0.1685	5.9360
	Prostata	0.0191	0.0106	1.7898	0.5587
25	Uterus	0.0116	0.0071	1.6246	0.6155
	Brust-Hyperplasie	0.0036			
	Duenn darm	0.0062			
	Prostata-Hyperplasie	0.0208			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0044			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0154
	Gastrointestinal	0.0062
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0118
40	Herz-Blutgefuesse	0.0245
	Lunge	0.0074
	Niere	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
	Brust	0.0136
50	Eierstock-Uterus	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0082
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0456
55	Haut-Muskel	0.0097
	Hoden	0.0078
	Lunge	0.0164
	Nerven	0.0050
	Prostata	0.0064
60	Sinnesorgane	0.0000

65

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 19

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0120	0.0763	0.1573	6.3588
	Eierstock	0.0608	0.0234	2.5969	0.3851
10	Endokrines_Gewebe	0.0073	0.0245	0.2977	3.3593
	Gastrointestinal	0.0872	0.1000	0.8724	1.1462
	Gehirn	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0149	0.0388	0.3826	2.6139
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0050	0.0355	0.1405	7.1196
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0230	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0119	0.0958	0.1243	8.0455
25	Uterus	0.0017	0.0214	0.0774	12.9263
	Brust-Hyperplasie	0.0073			
	Duennndarm	0.0436			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0470			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0247			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
50	Eierstock-Uterus	0.0205			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0052			
	Gastrointestinal	0.0366			
	Haematopoetisch	0.0000			
55	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0321			
60	Sinnesorgane	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 20

	NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051		0.0000	undef
	Brust	0.0040	0.0240		0.1668	5.9954
	Eierstock	0.0182	0.0078		2.3372	0.4279
	Endokrines_Gewebe	0.0164	0.0245		0.6698	1.4930
10	Gastrointestinal	0.0213	0.0190		1.1196	0.8932
	Gehirn	0.0144	0.0186		0.7741	1.2918
	Haematopoetisch	0.0056	0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000		undef	undef
	Hepatisch	0.0248	0.0065		3.8257	0.2614
15	Herz	0.0138	0.0000		undef	0.0000
	Hoden	0.0428	0.0000		undef	0.0000
	Lunge	0.0199	0.0165		1.2033	0.8306
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0230		0.4200	2.3811
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0000		undef	0.0000
20	Niere	0.0119	0.0137		0.8683	1.1517
	Pankreas	0.0038	0.0000		undef	0.0000
	Penis	0.0150	0.0000		undef	0.0000
	Prostata	0.0119	0.0192		0.6215	1.6091
	Uterus	0.0132	0.0142		0.9283	1.0772
25	Brust-Hyperplasie	0.0254				
	Duennndarm	0.0093				
	Prostata-Hyperplasie	0.0238				
	Samenblase	0.0178				
	Sinnesorgane	0.0118				
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0044				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0062
	Gehirn	0.0125
	Haematopoetisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
40	Lunge	0.0111
	Niere	0.0185
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0140

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
45	Brust	0.0000
	Eierstock-Uterus	0.0068
50	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0058
	Gastrointestinal	0.0488
	Haematopoetisch	0.0114
	Haut-Muskel	0.0065
55	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0040
	Prostata	0.0385
	Sinnesorgane	0.0000

60

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 21

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000		0.0026		0.0000	undef
	Brust	0.0067		0.0261		0.2548	3.9243
	Eierstock	0.0000		0.0000		undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0018		0.0000		undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0039		0.0048		0.8143	1.2281
	Gehirn	0.0017		0.0022		0.7741	1.2918
	Haematopoetisch	0.0112		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0050		0.0000		undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000		0.0065		0.0000	undef
	Herz	0.0042		0.0137		0.3083	3.2436
	Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef
	Lunge	0.0037		0.0024		1.5801	0.6329
	Magen-Speiserohre	0.0000		0.0000		undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0034		0.0000		undef	0.0000
	Niere	0.0030		0.0137		0.2171	4.6066
	Pankreas	0.0000		0.0055		0.0000	undef
	Penis	0.0060		0.0000		undef	0.0000
	Prostata	0.0024		0.0000		undef	0.0000
25	Uterus	0.0017		0.0000		undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0073					
	Duenn darm	0.0000					
	Prostata-Hyperplasie	0.0000					
	Samenblase	0.0000					
30	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0052					
FOETUS							
35	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Gehirn	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0039					
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000					
	Lunge	0.0000					
	Niere	0.0000					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0068					
50	Eierstock-Uterus	0.0046					
	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0023					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0228					
55	Haut-Muskel	0.0000					
	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0000					
	Nerven	0.0000					
	Prostata	0.0064					
60	Sinnesorgane	0.0000					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 22

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0046	0.0051	0.9092	1.0998
	Brust	0.0093	0.0218	0.4281	2.3359
	Eierstock	0.0061	0.0078	0.7791	1.2836
10	Endokrines_Gewebe	0.0055	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0059	0.0033	1.8062	0.5536
	Haematopoetisch	0.0126	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0050	0.0847	0.0587	17.0262
15	Hepatisch	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0138	0.0137	1.0020	0.9980
	Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0112	0.0024	0.7404	0.2110
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0537	0.1000	5.5559
20	Muskel-Skelett	0.0086	0.0180	0.4758	2.1015
	Niere	0.0119	0.0274	0.4342	2.3033
	Pankreas	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0267	0.1123	8.9040
	Prostata	0.0143	0.0043	3.3559	0.2980
25	Uterus	0.0033	0.0071	0.4642	2.1544
	Brust-Hyperplasie	0.0036			
	Duenn darm	0.0062			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0070			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0092			
	Gehirn	0.0125			
	Haematopoetisch	0.0157			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0041			
	Lunge	0.0037			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
50	Eierstock-Uterus	0.0114			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0114			
55	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
	Prostata	0.0000			
60	Sinnesorgane	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 23

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5		Blase 0.0000	0.0077	0.0000	undef
		Brust 0.0040	0.0131	0.3058	3.2702
		Eierstock 0.0030	0.0000	undef	0.0000
10		Endokrines_Gewebe 0.0109	0.0000	undef	0.0000
		Gastrointestinal 0.0136	0.0048	2.8499	0.3509
		Gehirn 0.0059	0.0099	0.6021	1.6609
		Haematopoetisch 0.0056	0.0000	undef	0.0000
		Haut 0.0597	0.0000	undef	0.0000
15		Hepatisch 0.0000	0.0065	0.0000	undef
		Herz 0.0064	0.0137	0.4624	2.1624
		Hoden 0.0000	0.0351	0.0000	undef
		Lunge 0.0012	0.0095	0.1317	7.5980
		Magen-Speiserohre 0.0193	0.0230	0.8399	1.1905
20		Muskel-Skelett 0.0069	0.0060	1.1420	0.8756
		Niere 0.0059	0.0068	0.8683	1.1517
		Pankreas 0.0038	0.0000	undef	0.0000
		Penis 0.0000	0.0000	undef	undef
		Prostata 0.0143	0.0213	0.6712	1.4899
25		Uterus 0.0066	0.0000	undef	0.0000
		Brust-Hyperplasie 0.0000			
		Duennndarm 0.0093			
		Prostata-Hyperplasie 0.0089			
		Samenblase 0.0178			
30		Sinnesorgane 0.0118			
		Weisse_Blutkoerperchen 0.0044			
FOETUS					
35		%Haeufigkeit			
		Entwicklung 0.0154			
		Gastrointestenstinal 0.0031			
		Gehirn 0.0250			
		Haematopoetisch 0.0000			
40		Herz-Blutgefaessee 0.0245			
		Lunge 0.0037			
		Niere 0.0185			
		Prostata 0.0000			
		Sinnesorgane 0.0000			
45					
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
		%Haeufigkeit			
50		Brust 0.0136			
		Eierstock-Uterus 0.0297			
		Endokrines_Gewebe 0.0000			
		Foetal 0.0222			
		Gastrointestinal 0.0000			
		Haematopoetisch 0.0000			
55		Haut-Muskel 0.0000			
		Hoden 0.0000			
		Lunge 0.0082			
		Nerven 0.0030			
		Prostata 0.0064			
60		Sinnesorgane 0.0077			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 24

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0046		0.0102		0.4546	2.1996
	Brust	0.0027		0.0174		0.1529	6.5404
	Eierstock	0.0152		0.0234		0.6492	1.5403
10	Endokrines_Gewebe	0.0146		0.0327		0.4465	2.2395
	Gastrointestinal	0.0291		0.0095		3.0535	0.3275
	Gehirn	0.0203		0.0252		0.8078	1.2380
	Haematopoetisch	0.0084		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0149		0.0000		undef	0.0000
15	Lunge	0.0137		0.0118		1.1588	0.8630
	Magen-Speiseroehre	0.0097		0.0153		0.6300	1.5874
	Muskel-Skelett	0.0206		0.0060		3.4261	0.2919
	Niere	0.0327		0.0411		0.7960	1.2563
	Pankreas	0.0114		0.0221		0.5143	1.9446
20	Penis	0.0329		0.0000		undef	0.0000
	Prostata	0.0286		0.0234		1.2203	0.8195
	Uterus	0.0165		0.0071		2.3208	0.4309
	Brust-Hyperplasie	0.0145					
	Duenn darm	0.0187					
25	Prostata-Hyperplasie	0.0119					
	Samenblase	0.0178					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0122					
30	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0154					
35	Gehirn	0.0313					
	Haematopoetisch	0.0039					
	Herz-Blutgefuesse	0.0368					
	Lunge	0.0111					
	Niere	0.0124					
40	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0000					
	Eierstock-Uterus	0.0228					
	Endokrines_Gewebe	0.0245					
	Foetal	0.0035					
50	Gastrointestinal	0.0244					
	Haematopoetisch	0.0171					
	Haut-Muskel	0.0000					
	Hoden	0.0156					
	Lunge	0.0246					
55	Nerven	0.0090					
	Prostata	0.0192					
	Sinnesorgane	0.0000					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 25

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000		0.0051		0.0000	undef
	Brust	0.0040		0.0131		0.3058	3.2702
	Eierstock	0.0000		0.0052		0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0036		0.0027		1.3396	0.7465
	Gastrointestinal	0.0039		0.0048		0.8143	1.2281
	Gehirn	0.0102		0.0077		1.3270	0.7536
	Haematopoetisch	0.0084		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0000		0.0000		undef	undef
15	Hepatisch	0.0000		0.0000		undef	undef
	Herz	0.0000		0.0137		0.0000	undef
	Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef
	Lunge	0.0012		0.0047		0.2634	3.7971
	Magen-Speiserohre	0.0000		0.0000		undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0034		0.0240		0.1428	7.0051
	Niere	0.0059		0.0068		0.8683	1.1517
	Pankreas	0.0000		0.0000		undef	undef
	Penis	0.0030		0.0267		0.1123	8.9040
	Prostata	0.0000		0.0064		0.0000	undef
25	Uterus	0.0017		0.0071		0.2321	4.3088
	Brust-Hyperplasie	0.0036					
	Duennndarm	0.0062					
	Prostata-Hyperplasie	0.0059					
	Samenblase	0.0000					
30	Sinnesorgane	0.0118					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026					

		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
35	Entwicklung	0.0000	
	Gastrointestinal	0.0031	
	Gehirn	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0000	
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000	
	Lunge	0.0111	
	Niere	0.0000	
	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000	
50	Eierstock-Uterus	0.0000	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0000	
	Gastrointestinal	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0000	
55	Haut-Muskel	0.0000	
	Hoden	0.0000	
	Lunge	0.0000	
	Nerven	0.0040	
	Prostata	0.0000	
60	Sinnesorgane	0.0000	

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 27

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0093	0.0077	1.2123	0.8249
	Brust 0.0067	0.0131	0.5096	1.9621
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0018	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal 0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn 0.0042	0.0175	0.2419	4.1338
	Haematopoetisch 0.0028	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0050	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz 0.0064	0.0412	0.1541	6.4872
	Hoden 0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Lunge 0.0062	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre 0.0000	0.0153	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett 0.0017	0.0120	0.1428	7.0051
	Niere 0.0089	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas 0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Penis 0.0000	0.0267	0.0000	undef
	Prostata 0.0095	0.0021	4.4745	0.2235
25	Uterus 0.0033	0.0142	0.2321	4.3088
	Brust-Hyperplasie 0.0036			
	Duenndarm 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0030			
	Samenblase 0.0000			
30	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0009			
	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
35	Entwicklung 0.0307			
	Gastrointestinal 0.0062			
	Gehirn 0.0250			
	Haematopoetisch 0.0197			
40	Herz-Blutgefuesse 0.0000			
	Lunge 0.0185			
	Niere 0.0062			
	Prostata 0.0249			
	Sinnesorgane 0.0558			
45				
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0068			
50	Eierstock-Uterus 0.0091			
	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0012			
	Gastrointestinal 0.0244			
	Haematopoetisch 0.0000			
55	Haut-Muskel 0.0000			
	Hoden 0.0000			
	Lunge 0.0082			
	Nerven 0.0070			
	Prostata 0.0064			
60	Sinnesorgane 0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 29

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000		0.0102		0.0000	undef
	Brust	0.0013		0.0109		0.1223	8.1755
	Eierstock	0.0030		0.0052		0.5843	1.7114
10	Endokrines_Gewebe	0.0036		0.0082		0.4465	2.2395
	Gastrointestinal	0.0058		0.0000		undef	0.0000
	Gehirn	0.0025		0.0307		0.0829	12.0569
	Haematopoetisch	0.0140		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0050		0.0000		undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0050		0.0000		undef	0.0000
	Herz	0.0000		0.0000		undef	undef
	Hoden	0.0000		0.0234		0.0000	undef
	Lunge	0.0037		0.0000		undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000		0.0000		undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0051		0.0060		0.8565	1.1675
	Niere	0.0000		0.0205		0.0000	undef
	Pankreas	0.0038		0.0000		undef	0.0000
	Penis	0.0000		0.0000		undef	undef
	Prostata	0.0071		0.0043		1.6779	0.5960
25	Uterus	0.0033		0.0000		undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000					
	Duenn darm	0.0062					
	Prostata-Hyperplasie	0.0059					
	Samenblase	0.0089					
30	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0226					
		FOETUS					
		%Haeufigkeit					
35	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0031					
	Gehirn	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0197					
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000					
	Lunge	0.0000					
	Niere	0.0000					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
45							
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
		%Haeufigkeit					
	Brust	0.0204					
50	Eierstock-Uterus	0.0023					
	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0023					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0114					
55	Haut-Muskel	0.0000					
	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0164					
	Nerven	0.0030					
	Prostata	0.0128					
60	Sinnesorgane	0.0000					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 30

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0186	0.0153	1.2123	0.8249
	Brust	0.0133	0.0436	0.3058	3.2702
	Eierstock	0.0182	0.0130	1.4023	0.7131
10	Endokrines_Gewebe	0.0073	0.0191	0.3827	2.6128
	Gastrointestinal	0.0194	0.0095	2.0357	0.4912
	Gehirn	0.0237	0.0449	0.5287	1.8916
	Haematopoetisch	0.0098	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0099	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0050	0.0065	0.7651	1.3069
	Herz	0.0254	0.0550	0.4624	2.1624
	Hoden	0.0244	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0224	0.0185	1.3544	0.7308
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0307	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0086	0.0180	0.4758	2.1015
	Niere	0.0208	0.0205	1.0130	0.9871
	Pankreas	0.0114	0.0387	0.2939	3.4030
	Penis	0.0120	0.0267	0.4492	2.2260
	Prostata	0.0214	0.0128	1.6779	0.5960
25	Uterus	0.0066	0.0142	0.4642	2.1544
	Brust-Hyperplasie	0.0073			
	Duennndarm	0.0031			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0305			
		FOETUS			
35		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.1537			
	Gastrointestinal	0.0401			
	Gehirn	0.1126			
	Haematopoetisch	0.0472			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0164			
	Lunge	0.0481			
	Niere	0.0247			
	Prostata	0.0499			
	Sinnesorgane	0.1954			
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0544			
50	Eierstock-Uterus	0.0320			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0636			
	Gastrointestinal	0.0610			
	Haematopoetisch	0.0057			
55	Haut-Muskel	0.1328			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0191			
	Prostata	0.0064			
60	Sinnesorgane	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 31

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0046		0.0026		1.8185	0.5499
	Brust	0.0027		0.0109		0.2446	4.0878
	Eierstock	0.0000		0.0078		0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0018		0.0054		0.3349	2.9861
	Gastrointestinal	0.0078		0.0048		1.6285	0.6141
	Gehirn	0.0263		0.0110		2.3997	0.4167
	Haematopoetisch	0.0042		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0050		0.0000		undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0099		0.0000		undef	0.0000
	Herz	0.0064		0.0275		0.2312	4.3248
	Hoden	0.0000		0.0117		0.0000	undef
	Lunge	0.0112		0.0047		2.3702	0.4219
20	Magen-Speiserohre	0.0000		0.0000		undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0051		0.0060		0.8565	1.1675
	Niere	0.0089		0.0000		undef	0.0000
	Pankreas	0.0057		0.0000		undef	0.0000
	Penis	0.0150		0.0000		undef	0.0000
	Prostata	0.0048		0.0064		0.7458	1.3409
25	Uterus	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0036					
	Duenn darm	0.0125					
	Prostata-Hyperplasie	0.0059					
30	Samenblase	0.0089					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0044					
35	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0031					
	Gehirn	0.0063					
	Haematopoetisch	0.0079					
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000					
	Lunge	0.0000					
	Niere	0.0000					
	Prostata	0.0249					
45	Sinnesorgane	0.0000					
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0136					
	Eierstock-Uterus	0.0091					
	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0047					
55	Gastrointestinal	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut-Muskel	0.0227					
	Hoden	0.0000					
60	Lunge	0.0246					
	Nerven	0.0231					
	Prostata	0.0064					
	Sinnesorgane	0.0000					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 33

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0139	0.0230	0.6062	1.6497
	Brust	0.0013	0.0131	0.1019	9.8107
	Eierstock	0.0061	0.0078	0.7791	1.2836
10	Endokrines_Gewebe	0.0128	0.0027	4.6885	0.2133
	Gastrointestinal	0.0174	0.0048	3.6642	0.2729
	Gehirn	0.0085	0.0142	0.5955	1.6794
	Haematopoetisch	0.0056	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0249	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0259	0.0000	undef
	Herz	0.0159	0.0137	1.1561	0.8650
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0224	0.0260	0.8619	1.1602
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
20	Muskel-Skelett	0.0154	0.0060	2.5696	0.3892
	Niere	0.0149	0.0137	1.0854	0.9213
	Pankreas	0.0038	0.0110	0.3428	2.9168
	Penis	0.0120	0.0267	0.4492	2.2260
	Prostata	0.0191	0.0255	0.7458	1.3409
25	Uterus	0.0132	0.0071	1.8567	0.5386
	Brust-Hyperplasie	0.0145			
	Duennndarm	0.0093			
	Prostata-Hyperplasie	0.0208			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0183			
		FOETUS			
35		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0123			
	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0041			
	Lunge	0.0037			
	Niere	0.0124			
	Prostata	0.0748			
	Sinnesorgane	0.0000			
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0204			
50	Eierstock-Uterus	0.0091			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0070			
	Gastrointestinal	0.0366			
	Haematopoetisch	0.0114			
55	Haut-Muskel	0.0356			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0010			
	Prostata	0.0128			
60	Sinnesorgane	0.0155			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 35

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0139		0.0000		undef	0.0000
	Brust	0.0013		0.0109		0.1223	8.1755
	Eierstock	0.0091		0.0078		1.1686	0.8557
10	Endokrines_Gewebe	0.0128		0.0082		1.5628	0.6399
	Gastrointestinal	0.0097		0.0095		1.0178	0.9825
	Gehirn	0.0068		0.0066		1.0321	0.9689
	Haematopoetisch	0.0028		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0099		0.0000		undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0248		0.0000		undef	0.0000
	Herz	0.0053		0.0000		undef	0.0000
	Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef
	Lunge	0.0037		0.0000		0.3950	2.5314
	Magen-Speiserohre	0.0000		0.0153		0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0069		0.0060		1.1420	0.8756
	Niere	0.0149		0.0068		2.1708	0.4607
	Pankreas	0.0057		0.0055		1.0285	0.9723
	Penis	0.0120		0.0000		undef	0.0000
	Prostata	0.0048		0.0064		0.7458	1.3409
25	Uterus	0.0017		0.0071		0.2321	4.3088
	Brust-Hyperplasie	0.0000					
	Duenn darm	0.0093					
	Prostata-Hyperplasie	0.0059					
	Samenblase	0.0089					
30	Sinnesorgane	0.0118					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017					

		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
35	Entwicklung	0.0154	
	Gastrointestinal	0.0062	
	Gehirn	0.0063	
	Haematopoetisch	0.0000	
40	Herz-Blutgefuesse	0.0041	
	Lunge	0.0074	
	Niere	0.0000	
	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
	Brust	0.0068	
50	Eierstock-Uterus	0.0091	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0111	
	Gastrointestinal	0.0122	
	Haematopoetisch	0.0057	
55	Haut-Muskel	0.0453	
	Hoden	0.0078	
	Lunge	0.0000	
	Nerven	0.0100	
	Prostata	0.0128	
60	Sinnesorgane	0.0000	

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 36

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000		0.0026		0.0000	undef
	Brust	0.0013		0.0109		0.1223	8.1755
	Eierstock	0.0000		0.0000		undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000		0.0027		0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0019		0.0000		undef	0.0000
	Gehirn	0.0051		0.0011		4.6446	0.2153
	Haematopoetisch	0.0042		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0000		0.0000		undef	undef
15	Hepatisch	0.0000		0.0065		0.0000	undef
	Herz	0.0000		0.0000		undef	undef
	Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef
	Lunge	0.0000		0.0000		undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000		0.0000		undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0034		0.0000		undef	0.0000
	Niere	0.0000		0.0000		undef	undef
	Pankreas	0.0000		0.0000		undef	undef
	Penis	0.0000		0.0000		undef	undef
	Prostata	0.0048		0.0021		2.2373	0.4470
25	Uterus	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000					
	Duendarm	0.0000					
	Prostata-Hyperplasie	0.0059					
	Samenblase	0.0000					
30	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026					
		FOETUS					
		%Haeufigkeit					
35	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0031					
	Gehirn	0.0125					
	Haematopoetisch	0.0000					
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000					
	Lunge	0.0000					
	Niere	0.0062					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
45							
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
		%Haeufigkeit					
50	Brust	0.0000					
	Eierstock-Uterus	0.0114					
	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0017					
	Gastrointestinal	0.0122					
	Haematopoetisch	0.0000					
55	Haut-Muskel	0.0000					
	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0000					
	Nerven	0.0020					
	Prostata	0.0064					
60	Sinnesorgane	0.0000					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 37

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5	Blase	0.0046	0.0102	0.4546	2.1996
	Brust	0.0000	0.0218	0.0000	undef
	Eierstock	0.0122	0.0442	0.2750	3.6368
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0027	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0136	0.0190	0.7125	1.4035
	Gehirn	0.0008	0.0077	0.1106	9.0427
	Haematopoetisch	0.0322	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0234	0.0000	undef
	Lunge	0.0535	0.0473	1.1324	0.8831
	Magen-Speiseroehre	0.0676	0.0767	0.8819	1.1243
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0114	0.0055	2.0570	0.4861
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0071	0.0128	0.5593	1.7879
	Uterus	0.0017	0.0000	undef	0.0000
25	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duennndarm	0.0249			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0235			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.1140			
FOETUS					
	%Haeufigkeit				
35	Entwicklung	0.0154			
	Gastrointestinal	0.0154			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Herz-Blutgefuesse	0.0041			
40	Lunge	0.0037			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0000			
50	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0366			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
55	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 38

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000		0.0026		0.0000	undef
	Brust	0.0067		0.0131		0.5096	1.9621
	Eierstock	0.0061		0.0000		undef	0.0000
10	Endokrines_Gewebe	0.0036		0.0000		undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0019		0.0000		undef	0.0000
	Gehirn	0.0000		0.0033		0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0084		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0000		0.0000		undef	undef
15	Hepatisch	0.0000		0.0000		undef	undef
	Herz	0.0021		0.0000		undef	0.0000
	Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef
	Lunge	0.0000		0.0000		undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000		0.0000		undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000		0.0000		undef	undef
	Niere	0.0119		0.0000		undef	0.0000
	Pankreas	0.0000		0.0000		undef	undef
	Penis	0.0000		0.0000		undef	undef
	Prostata	0.0024		0.0043		0.5593	1.7879
25	Uterus	0.0017		0.0000		undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0073					
	Duenn darm	0.0031					
	Prostata-Hyperplasie	0.0030					
	Samenblase	0.0000					
30	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026					

		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
35	Entwicklung	0.0000	
	Gastrointestinal	0.0000	
	Gehirn	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0000	
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000	
	Lunge	0.0000	
	Niere	0.0124	
	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000	
50	Eierstock-Uterus	0.0046	
	Endokrines_Gewebe	0.0490	
	Foetal	0.0029	
	Gastrointestinal	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0000	
55	Haut-Muskel	0.0000	
	Hoden	0.0000	
	Lunge	0.0082	
	Nerven	0.0131	
	Prostata	0.0000	
60	Sinnesorgane	0.0000	

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 39

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0093	0.0077	1.2123	0.8249
	Brust	0.0053	0.0283	0.1882	5.3141
10	Eierstock	0.0122	0.0130	0.9349	1.0696
	Endokrines_Gewebe	0.0347	0.0300	1.1569	0.8644
	Gastrointestinal	0.0136	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0153	0.0131	1.1612	0.8612
	Haematopoetisch	0.0056	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0199	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0198	0.0065	3.0606	0.3267
	Herz	0.0127	0.0137	0.9249	1.0912
	Hoden	0.0122	0.0117	1.0447	0.9572
	Lunge	0.0212	0.0165	1.2792	0.7818
20	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0180	0.6662	1.5011
	Niere	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0133	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0533	0.0562	17.8081
25	Prostata	0.0167	0.0064	2.6101	0.3831
	Uterus	0.0066	0.0071	0.9283	1.0772
	Brust-Hyperplasie	0.0073			
	Duennndarm	0.0125			
	Prostata-Hyperplasie	0.0208			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0235			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0031			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Herz-Blutgefuesse	0.0041			
	Lunge	0.0111			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0068			
	Eierstock-Uterus	0.0274			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0204			
	Gastrointestinal	0.0244			
55	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0421			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0151			
60	Prostata	0.0256			
	Sinnesorgane	0.0542			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 40

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0027	0.0174	0.1529	6.5404
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0082	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0048	0.0000	undef
	Gehirn	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0149	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0050	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0087	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0024	0.0021	1.1186	0.8939
	Uterus	0.0017	0.0000	undef	0.0000
25	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duendarm	0.0031			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0070			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
40	Lunge	0.0000
	Niere	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
45	Brust	0.0000
	Eierstock-Uterus	0.0000
50	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0117
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
55	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0070
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

60

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 41

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0128	0.0000	undef
	Brust	0.0040	0.0218	0.1835	5.4504
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0058	0.0095	0.6107	1.6375
	Gehirn	0.0000	0.0033	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0056	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0012	0.0047	0.2634	3.7971
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0048	0.0021	2.2373	0.4470
	Uterus	0.0050	0.0000	undef	0.0000
25	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duendarm	0.0031			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			
FOETUS					
	%Haeufigkeit				
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0031			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
40	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0185			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0000			
50	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0228			
	Haut-Muskel	0.0000			
55	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0128			
	Sinnesorgane	0.0000			
60					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 42

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000		0.0051		0.0000	undef
	Brust	0.0053		0.0109		0.4893	2.0439
	Eierstock	0.0030		0.0052		0.5843	1.7114
10	Endokrines_Gewebe	0.0000		0.0027		0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0000		0.0000		undef	undef
	Gehirn	0.0000		0.0000		undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000		0.0000		undef	undef
	Haut	0.0000		0.0000		undef	undef
15	Hepatisch	0.0050		0.0000		undef	0.0000
	Herz	0.0000		0.0000		undef	undef
	Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef
	Lunge	0.0050		0.0024		2.1159	0.8046
	Magen-Speiserohre	0.0000		0.0000		undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000		0.0000		undef	undef
	Niere	0.0000		0.0000		undef	undef
	Pankreas	0.0000		0.0000		undef	undef
	Penis	0.0000		0.0000		undef	undef
	Prostata	0.0048		0.0000		undef	0.0000
25	Uterus	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0036					
	Duendarm	0.0000					
	Prostata-Hyperplasie	0.0000					
	Samenblase	0.0000					
30	Sinnesorgane	0.0235					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000					

		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
35	Entwicklung	0.0000	
	Gastrointestinal	0.0000	
	Gehirn	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0000	
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000	
	Lunge	0.0000	
	Niere	0.0000	
	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
	Brust	0.0340	
50	Eierstock-Uterus	0.0000	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0146	
	Gastrointestinal	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0000	
55	Haut-Muskel	0.0130	
	Hoden	0.0000	
	Lunge	0.0082	
	Nerven	0.0181	
	Prostata	0.0000	
60	Sinnesorgane	0.0077	

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 43

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0013	0.0109	0.1223	8.1755
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
10	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0008	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0024	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0267	0.0000	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duennndarm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
		FOETUS			
35		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
50	Eierstock-Uterus	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
55	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
	Prostata	0.0064			
60	Sinnesorgane	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 44

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0153	0.0874	11.4458
	Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0048	0.0000	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0012	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0000	undef	0.0000
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duendarm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Herz-Blutgefuesse	0.0041
	Lunge	0.0000
	Niere	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
	Brust	0.0000
50	Eierstock-Uterus	0.0023
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
55	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0010
	Prostata	0.0000
60	Sinnesorgane	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 45

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0139		0.0000		undef	0.0000
	Brust	0.0093		0.0196		0.4757	2.1023
	Eierstock	0.0122		0.0078		1.5582	0.6418
10	Endokrines_Gewebe	0.0036		0.0054		0.6698	1.4930
	Gastrointestinal	0.0097		0.0000		undef	0.0000
	Gehirn	0.0110		0.0131		0.8386	1.1924
	Haematopoetisch	0.0028		0.0378		0.0739	13.5274
	Haut	0.0348		0.0000		undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0099		0.0000		undef	0.0000
	Herz	0.0106		0.0000		undef	0.0000
	Hoden	0.0061		0.0117		0.5224	0.9144
	Lunge	0.0112		0.0095		1.1851	0.8438
	Magen-Speiserohre	0.0000		0.0000		undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0051		0.0060		0.8565	1.1675
	Niere	0.0089		0.0068		1.3025	0.7678
	Pankreas	0.0133		0.0055		2.3999	0.4167
	Penis	0.0090		0.0000		undef	0.0000
	Prostata	0.0095		0.0043		2.2373	0.4470
25	Uterus	0.0066		0.0071		0.9283	1.0772
	Brust-Hyperplasie	0.0109					
	Duenn darm	0.0062					
	Prostata-Hyperplasie	0.0030					
	Samenblase	0.0089					
30	Sinnesorgane	0.0235					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0078					

		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
35	Entwicklung	0.0154	
	Gastrointestinal	0.0092	
	Gehirn	0.0125	
	Haematopoetisch	0.0000	
40	Herz-Blutgefuesse	0.0082	
	Lunge	0.0296	
	Niere	0.0000	
	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000	
50	Eierstock-Uterus	0.0046	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0210	
	Gastrointestinal	0.0122	
	Haematopoetisch	0.0114	
55	Haut-Muskel	0.0032	
	Hoden	0.0000	
	Lunge	0.0164	
	Nerven	0.0131	
	Prostata	0.0000	
60	Sinnesorgane	0.0000	

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 46

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0232		0.0051		4.5462	0.2200
	Brust	0.0027		0.0153		0.1747	5.7229
	Eierstock	0.0030		0.0078		0.3895	2.5671
10	Endokrines_Gewebe	0.0000		0.0054		0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0019		0.0095		0.2036	4.9124
	Gehirn	0.0076		0.0099		0.7741	1.2918
	Haematopoetisch	0.0028		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0000		0.0000		undef	undef
15	Hepatisch	0.0050		0.0065		0.7651	1.3069
	Herz	0.0053		0.0550		0.0963	10.3795
	Hoden	0.0122		0.0117		1.0447	0.9572
	Lunge	0.0037		0.0071		0.5267	1.8986
	Magen-Speiserohre	0.0290		0.0077		3.7798	0.2646
20	Muskel-Skelett	0.0017		0.0000		undef	0.0000
	Niere	0.0089		0.0068		1.3025	0.7678
	Pankreas	0.0076		0.0055		1.3713	0.7292
	Penis	0.0030		0.0000		undef	0.0000
	Prostata	0.0024		0.0106		0.2237	4.4697
25	Uterus	0.0083		0.0000		undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000					
	Duenn darm	0.0062					
	Prostata-Hyperplasie	0.0089					
	Samenblase	0.0000					
30	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017					
		FOETUS		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Gehirn	0.0063					
	Haematopoetisch	0.0000					
40	Herz-Blutgefuesse	0.0041					
	Lunge	0.0074					
	Niere	0.0247					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
45							
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000					
50	Eierstock-Uterus	0.0068					
	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0017					
	Gastrointestinal	0.0122					
	Haematopoetisch	0.0000					
55	Haut-Muskel	0.0000					
	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0082					
	Nerven	0.0020					
	Prostata	0.0128					
60	Sinnesorgane	0.0000					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 47

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0013	0.0131	0.1019	9.8107
	Eierstock	0.0030	0.0052	0.5843	1.7114
10	Endokrines_Gewebe	0.0055	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0068	0.0055	1.2386	0.8074
	Haematopoetisch	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0099	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0047	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0089	0.0068	1.3025	0.7678
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0085	0.0000	undef
25	Uterus	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0073			
	Duendarm	0.0062			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0178			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0154
	Gastrointestinal	0.0031
	Gehirn	0.0063
	Haematopoetisch	0.0000
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Niere	0.0062
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
	Brust	0.0000
50	Eierstock-Uterus	0.0023
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0023
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
55	Haut-Muskel	0.0065
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
60	Sinnesorgane	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 48

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0093	0.0051	1.8185	0.5499
	Brust	0.0053	0.0196	0.2718	3.6790
	Eierstock	0.0061	0.0052	1.1686	0.8557
10	Endokrines Gewebe	0.0073	0.0109	0.6698	1.4930
	Gastrointestinal	0.0097	0.0143	0.6786	1.4737
	Gehirn	0.0059	0.0022	2.7094	0.3691
	Haematopoetisch	0.0042	0.0378	0.1109	9.0183
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0138	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0122	0.0234	0.5224	1.9144
	Lunge	0.0022	0.0071	0.1756	5.6957
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0000	undef	0.0000
20	Muskel-Skelett	0.0051	0.0120	0.4283	2.3350
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0095	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0048	0.0085	0.5593	1.7879
25	Uterus	0.0050	0.0071	0.6963	1.4363
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duendarm	0.0093			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0044			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0307
	Gastrointestinal	0.0062
	Gehirn	0.0063
	Haematopoetisch	0.0118
40	Herz-Blutgefuesse	0.0164
	Lunge	0.0148
	Niere	0.0062
	Prostata	0.0499
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
	Brust	0.0000
50	Eierstock-Uterus	0.0137
	Endokrines Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0187
	Gastrointestinal	0.0244
	Haematopoetisch	0.0000
55	Haut-Muskel	0.0194
	Hoden	0.0156
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0131
	Prostata	0.0321
60	Sinnesorgane	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 49

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000		0.0077		0.0000	undef
	Brust	0.0040		0.0153		0.2621	3.8153
	Eierstock	0.0091		0.0286		0.3187	3.1376
	Endokrines_Gewebe	0.0182		0.0327		0.5582	1.7916
10	Gastrointestinal	0.0155		0.0095		1.6285	0.6141
	Gehirn	0.0127		0.0099		1.2902	0.7751
	Haematopoetisch	0.0098		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0000		0.0000		undef	undef
	Hepatisch	0.0099		0.0000		undef	0.0000
15	Herz	0.0265		0.0275		0.9634	1.0380
	Hoden	0.0061		0.0117		0.5224	1.9144
	Lunge	0.0149		0.0260		0.5746	1.7403
	Magen-Speiserohre	0.0097		0.0077		1.2599	0.7937
	Muskel-Skelett	0.0103		0.0060		1.7130	0.5838
20	Niere	0.0208		0.0342		0.6078	1.6452
	Pankreas	0.0019		0.0055		0.3428	2.9168
	Penis	0.0060		0.0000		undef	0.0000
	Prostata	0.0024		0.0106		0.2237	4.4697
	Uterus	0.0099		0.0000		undef	0.0000
25	Brust-Hyperplasie	0.0000					
	Duendarm	0.0093					
	Prostata-Hyperplasie	0.0059					
	Samenblase	0.0178					
	Sinnesorgane	0.0118					
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0052					
		FOETUS		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0062					
	Gehirn	0.0125					
	Haematopoetisch	0.0236					
	Herz-Blutgefuesse	0.0286					
40	Lunge	0.0074					
	Niere	0.0062					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0279					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		%Haeufigkeit			
45	Brust	0.0000					
	Eierstock-Uterus	0.0114					
50	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0210					
	Gastrointestinal	0.0244					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut-Muskel	0.0421					
55	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0164					
	Nerven	0.0050					
	Prostata	0.0064					
	Sinnesorgane	0.0155					
60							

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 50

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N
5	Blase	0.0000	0.0179	0.0000 undef
	Brust	0.0013	0.0065	0.2039 4.9053
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0000	undef 0.0000
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn	0.0008	0.0022	0.3871 2.5836
	Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch	0.0050	0.0000	undef 0.0000
	Herz	0.0032	0.0000	undef 0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge	0.0012	0.0047	0.2634 3.7971
20	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2855 3.5025
	Niere	0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000 undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef undef
25	Uterus	0.0083	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000		
	Duenn darm	0.0000		
	Prostata-Hyperplasie	0.0000		
	Samenblase	0.0000		
30	Sinnesorgane	0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009		
		FOETUS		
		%Haeufigkeit		
35	Entwicklung	0.0000		
	Gastrointestinal	0.0000		
	Gehirn	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0000		
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000		
	Lunge	0.0000		
	Niere	0.0000		
	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
45				
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
		%Haeufigkeit		
	Brust	0.0000		
50	Eierstock-Uterus	0.0046		
	Endokrines_Gewebe	0.0000		
	Foetal	0.0064		
	Gastrointestinal	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0000		
55	Haut-Muskel	0.0065		
	Hoden	0.0000		
	Lunge	0.0164		
	Nerven	0.0040		
	Prostata	0.0000		
60	Sinnesorgane	0.0000		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 51

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000		0.0051		0.0000	undef
	Brust	0.0053		0.0153		0.3495	2.8614
	Eierstock	0.0213		0.0234		0.9089	1.1002
10	Endokrines_Gewebe	0.0182		0.0518		0.3525	2.8368
	Gastrointestinal	0.0078		0.0048		1.6285	0.6141
	Gehirn	0.0136		0.0120		1.1260	0.8881
	Haematopoetisch	0.0098		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0000		0.0000		undef	undef
15	Hepatisch	0.0000		0.0194		0.0000	undef
	Herz	0.0095		0.0000		undef	0.0000
	Hoden	0.0428		0.0117		3.6565	2.5735
	Lunge	0.0137		0.0142		0.9656	1.0356
	Magen-Speiserohre	0.0097		0.0000		undef	0.0000
20	Muskel-Skelett	0.0017		0.0600		0.0286	35.0255
	Niere	0.0178		0.0479		0.3721	2.6872
	Pankreas	0.0170		0.0000		undef	0.0000
	Penis	0.0150		0.0000		undef	0.0000
	Prostata	0.0071		0.0383		0.1864	5.3637
25	Uterus	0.0066		0.0071		0.9283	1.0772
	Brust-Hyperplasie	0.0218					
	Duenn darm	0.0000					
	Prostata-Hyperplasie	0.0208					
	Samenblase	0.0089					
30	Sinnesorgane	0.0353					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0218					

		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
35	Entwicklung	0.0154	
	Gastrointestinal	0.0123	
	Gehirn	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0039	
40	Herz-Blutgefuesse	0.0164	
	Lunge	0.0037	
	Niere	0.0185	
	Prostata	0.0249	
	Sinnesorgane	0.0140	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000	
50	Eierstock-Uterus	0.0434	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0210	
	Gastrointestinal	0.0366	
	Haematopoetisch	0.0000	
55	Haut-Muskel	0.0972	
	Hoden	0.0468	
	Lunge	0.0082	
	Nerven	0.0151	
	Prostata	0.0321	
60	Sinnesorgane	0.0310	

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 52

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0232	0.0256	0.9092	1.0998
	Brust	0.0053	0.0131	0.4077	2.4527
	Eierstock	0.0061	0.0078	0.7791	1.2836
10	Endokrines_Gewebe	0.0109	0.0054	2.0093	0.4977
	Gastrointestinal	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0042	0.0131	0.3225	3.1004
	Haematopoetisch	0.0098	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0249	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0201	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0125	0.0118	1.0534	0.9493
	Magen-Speiserohre	0.0386	0.0153	2.5198	0.3968
20	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5710	1.7513
	Niere	0.0119	0.0137	0.8683	1.1517
	Pankreas	0.0038	0.0110	0.3428	2.9168
	Penis	0.0090	0.0533	0.1685	5.9360
	Prostata	0.0119	0.0170	0.6991	1.4303
25	Uterus	0.0099	0.0142	0.6963	1.4363
	Brust-Hyperplasie	0.0073			
	Duenn darm	0.0125			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0178			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0052			
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
35	Entwicklung	0.0307			
	Gastrointestinal	0.0062			
	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0236			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0041			
	Lunge	0.0037			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0748			
	Sinnesorgane	0.0000			
45					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
50	Eierstock-Uterus	0.0205			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0128			
	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0057			
55	Haut-Muskel	0.0130			
	Hoden	0.0078			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0030			
	Prostata	0.0128			
60	Sinnesorgane	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 53

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0093	0.0051	1.8185	0.5499
	Brust	0.0053	0.0153	0.3495	2.8614
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0039	0.0143	0.2714	3.6843
	Gehirn	0.0034	0.0164	0.2064	4.8443
	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0194	0.0000	undef
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0075	0.0047	1.5801	0.6329
	Magen-Speiseroenre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0180	0.1903	5.2538
20	Niere	0.0059	0.0137	0.4342	2.3033
	Pankreas	0.0019	0.0055	0.3428	2.9168
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0024	0.0043	0.5593	1.7879
	Uterus	0.0066	0.0000	undef	0.0000
25	Brust-Hyperplasie	0.0073			
	Duennndarm	0.0093			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointenstinal	0.0031			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0079			
	Herz-Blutgefaessee	0.0000			
40	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0046			
50	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0097			
55	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0050			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 54

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0139	0.0102	1.3639	0.7332
	Brust	0.0080	0.0218	0.3669	2.7252
	Eierstock	0.0122	0.0182	0.6678	1.4975
10	Endokrines_Gewebe	0.0128	0.0191	0.6698	1.4930
	Gastrointestinal	0.0097	0.0286	0.3393	2.9474
	Gehirn	0.0059	0.0110	0.5419	1.8454
	Haematopoetisch	0.0280	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
	Herz	0.0127	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0122	0.0117	1.0447	0.9572
	Lunge	0.0100	0.0071	1.4046	0.7120
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0150	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0223	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0149	0.0137	1.0854	0.9213
	Pankreas	0.0133	0.0442	0.3000	3.3335
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0095	0.0128	0.7458	1.3409
25	Uterus	0.0264	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0036			
	Duenn darm	0.0125			
	Prostata-Hyperplasie	0.0238			
	Samenblase	0.0267			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0123
	Gehirn	0.0125
	Haematopoetisch	0.0118
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0111
	Niere	0.0309
	Prostata	0.0249
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
	Brust	0.0136
50	Eierstock-Uterus	0.0274
	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0099
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0228
55	Haut-Muskel	0.0324
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0131
	Prostata	0.0000
60	Sinnesorgane	0.0077

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 55

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0046		0.0051		0.9092	1.0998
	Brust	0.0067		0.0153		0.4368	2.2892
	Eierstock	0.0000		0.0130		0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0091		0.0136		0.6698	1.4930
	Gastrointestinal	0.0136		0.0143		0.9500	1.0527
	Gehirn	0.0144		0.0088		1.6450	0.6079
	Haematopoetisch	0.0070		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0000		0.0000		undef	undef
15	Hepatisch	0.0099		0.0000		undef	0.0000
	Herz	0.0042		0.0137		0.3083	3.2436
	Hoden	0.0000		0.0117		0.0000	undef
	Lunge	0.0062		0.0095		0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000		0.0997		0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0017		0.0180		0.0952	10.5076
	Niere	0.0119		0.0137		0.8683	1.1517
	Pankreas	0.0095		0.0110		0.8571	1.1667
	Penis	0.0150		0.0000		undef	0.0000
	Prostata	0.0071		0.0128		0.5593	1.7879
25	Uterus	0.0099		0.0071		1.3925	0.7181
	Brust-Hyperplasie	0.0036					
	Duenn darm	0.0218					
	Prostata-Hyperplasie	0.0089					
	Samenblase	0.0089					
30	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0070					
		FOETUS		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0031					
	Gehirn	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0157					
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000					
	Lunge	0.0000					
	Niere	0.0000					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
45							
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068					
50	Eierstock-Uterus	0.0068					
	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0029					
	Gastrointestinal	0.0366					
	Haematopoetisch	0.0171					
55	Haut-Muskel	0.0032					
	Hoden	0.0078					
	Lunge	0.0082					
	Nerven	0.0080					
	Prostata	0.0064					
60	Sinnesorgane	0.0077					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 56

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0204	0.0000	undef
	Brust	0.0000	0.0218	0.0000	undef
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0054	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0039	0.0048	0.8143	1.2281
	Gehirn	0.0008	0.0011	0.7741	1.2918
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0012	0.0047	0.2634	3.7971
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0110	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0267	0.0000	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duennndarm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestenstinal	0.0062			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0079			
40	Herz-Blutgefaessee	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
50	Eierstock-Uterus	0.0320			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0367			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0114			
55	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
60	Sinnesorgane	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 57

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0046		0.0051		0.9092	1.0998
	Brust	0.0027		0.0109		0.2446	4.0878
	Eierstock	0.0091		0.0026		3.5059	0.2852
10	Endokrines_Gewebe	0.0036		0.0054		0.6698	1.4930
	Gastrointestinal	0.0019		0.0000		undef	0.0000
	Gehirn	0.0017		0.0044		0.3871	2.5836
	Haematopoetisch	0.0028		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0000		0.0847		0.0000	undef
15	Hepatisch	0.0000		0.0000		undef	undef
	Herz	0.0021		0.0000		undef	0.0000
	Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef
	Lunge	0.0050		0.0000		undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000		0.0000		undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0017		0.0060		0.2855	3.5025
	Niere	0.0000		0.0000		undef	undef
	Pankreas	0.0057		0.0110		0.5143	1.9446
	Penis	0.0000		0.0000		undef	undef
	Prostata	0.0000		0.0021		0.0000	undef
25	Uterus	0.0033		0.0000		undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000					
	Duenn darm	0.0031					
	Prostata-Hyperplasie	0.0059					
	Samenblase	0.0000					
30	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061					

		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
35	Entwicklung	0.0000	
	Gastrointestinal	0.0031	
	Gehirn	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0079	
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000	
	Lunge	0.0074	
	Niere	0.0000	
	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000	
50	Eierstock-Uterus	0.0000	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0000	
	Gastrointestinal	0.0122	
	Haematopoetisch	0.0000	
55	Haut-Muskel	0.0000	
	Hoden	0.0000	
	Lunge	0.0000	
	Nerven	0.0050	
	Prostata	0.0128	
60	Sinnesorgane	0.0000	

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 58

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust	0.0173		0.0523		0.3313	3.0187
	Eierstock	0.0000		0.0026		0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0018		0.0000		undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000		0.0000		undef	undef
	Gehirn	0.0000		0.0000		undef	undef
	Haematopoetisch	0.0028		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0050		0.0000		undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000		0.0000		undef	undef
	Herz	0.0000		0.0000		undef	undef
	Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef
	Lunge	0.0000		0.0000		undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000		0.0000		undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000		0.0000		undef	undef
	Niere	0.0000		0.0000		undef	undef
	Pankreas	0.0000		0.0000		undef	undef
	Penis	0.0000		0.0000		undef	undef
	Prostata	0.0024		0.0000		undef	0.0000
25	Uterus	0.0066		0.0285		0.2321	4.3088
	Brust-Hyperplasie	0.0073					
	Duenn darm	0.0000					
	Prostata-Hyperplasie	0.0000					
	Samenblase	0.0000					
30	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000					
FOETUS							
35	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Gehirn	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0000					
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000					
	Lunge	0.0000					
	Niere	0.0000					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0000					
50	Eierstock-Uterus	0.0000					
	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0000					
55	Haut-Muskel	0.0000					
	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0000					
	Nerven	0.0000					
	Prostata	0.0128					
60	Sinnesorgane	0.0000					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 59

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0046	0.0051	0.9092	1.0998
	Brust	0.0013	0.0109	0.1223	8.1755
	Eierstock	0.0061	0.0000	undef	0.0000
10	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0039	0.0095	0.4071	2.4562
	Gehirn	0.0025	0.0066	0.3871	2.5836
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0061	0.0234	0.2612	3.8238
	Lunge	0.0025	0.0005	0.2634	3.7971
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0030	0.0068	0.4342	2.3033
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0024	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0073			
	Duennndarm	0.0031			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Herz-Blutgefasse	0.0082
	Lunge	0.0037
	Niere	0.0185
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
	Brust	0.0068
50	Eierstock-Uterus	0.0160
	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0035
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0114
55	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0020
	Prostata	0.0064
60	Sinnesorgane	0.0155

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 61

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0109	0.1223	8.1755
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0091	0.0245	0.3721	2.6874
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0017	0.0022	0.7741	1.2918
	Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0050	0.0024	0.2069	4.8746
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0024	0.0085	0.2797	3.5758
	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duendarm	0.0031			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0031
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0157
40	Herz-Blutgefuesse	0.0041
	Lunge	0.0000
	Niere	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
	Brust	0.0000
50	Eierstock-Uterus	0.0068
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0128
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
55	Haut-Muskel	0.0162
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0020
	Prostata	0.0000
60	Sinnesorgane	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 62

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0080	0.0153	0.5242	1.9076
	Eierstock	0.0091	0.0078	1.1686	0.8557
	Endokrines_Gewebe	0.0055	0.0109	0.5023	1.9907
10	Gastrointestinal	0.0078	0.0238	0.3257	3.0703
	Gehirn	0.0051	0.0077	0.6635	1.5071
	Haematopoetisch	0.0140	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0099	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0050	0.0047	1.0538	0.9493
	Magen-Speisepoentre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0059	0.0068	0.8683	1.1517
	Pankreas	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0048	0.0021	2.2373	0.4470
	Uterus	0.0033	0.0214	0.1547	6.4632
25	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duenn darm	0.0031			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0079			
	Herz-Blutgefuesse	0.0041			
40	Lunge	0.0074			
	Niere	0.0185			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0140			
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0091			
50	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0087			
	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0097			
55	Hoden	0.0156			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0030			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0697			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 63

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0046	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0109	0.0000	undef
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1686	0.8557
10	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0027	0.6698	1.4930
	Gastrointestinal	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0034	0.0044	0.7741	1.2918
	Haematopoetisch	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0149	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0012	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2855	3.5025
	Niere	0.0059	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0019	0.0055	0.3428	2.9168
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0036			
	Duenn darm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0092			
	Gehirn	0.0125			
	Haematopoetisch	0.0039			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0082			
	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
50	Eierstock-Uterus	0.0046			
	Endokrines_Gewebe	0.0490			
	Foetal	0.0058			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
55	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
	Prostata	0.0000			
60	Sinnesorgane	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 64

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0046	0.0665	0.0699	14.2976
	Brust 0.0080	0.0436	0.1835	5.4504
	Eierstock 0.0061	0.0234	0.2597	3.8507
	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal 0.0213	0.0571	0.3732	2.6795
	Gehirn 0.0008	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch 0.0028	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch 0.0000	0.0194	0.0000	undef
15	Herz 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0087	0.0142	0.6145	0.6273
	Magen-Speiserohre 0.0290	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere 0.0119	0.0205	0.5789	1.7275
	Pankreas 0.0133	0.0276	0.4800	2.0835
	Penis 0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata 0.0119	0.0106	1.1186	0.8939
	Uterus 0.0033	0.0071	0.4642	2.1544
25	Brust-Hyperplasie 0.0073			
	Duenndarm 0.0343			
	Prostata-Hyperplasie 0.0208			
	Samenblase 0.0178			
	Sinnesorgane 0.0353			
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			

	FOETUS
	%Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0092
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Herz-Blutgefuesse 0.0000
40	Lunge 0.0037
	Niere 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
45	Brust 0.0476
	Eierstock-Uterus 0.0274
50	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0052
	Gastrointestinal 0.0122
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0000
55	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0082
	Nerven 0.0000
	Prostata 0.0064
60	Sinnesorgane 0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 65

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0053	0.0174	0.3058	3.2702
	Eierstock	0.0061	0.0026	2.3372	0.4279
10	Endokrines_Gewebe	0.0073	0.0027	2.6791	0.3733
	Gastrointestinal	0.0097	0.0048	2.0357	0.4912
	Gehirn	0.0059	0.0055	1.0837	0.9227
	Haematopoetisch	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0087	0.0071	1.2290	0.8137
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0103	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0038	0.0055	0.6857	1.4584
	Penis	0.0120	0.0267	0.4492	2.2260
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
25	Uterus	0.0099	0.0142	0.6963	1.4363
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duenn darm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0087			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0154
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
40	Herz-Blutgefuesse	0.0041
	Lunge	0.0000
	Niere	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
	Brust	0.0136
50	Eierstock-Uterus	0.0046
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0082
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
55	Haut-Muskel	0.0032
	Hoden	0.0156
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0040
	Prostata	0.0128
60	Sinnesorgane	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 66

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0093	0.1508	0.0616	16.2223
	Brust 0.0013	0.0392	0.0340	29.4320
	Eierstock 0.0152	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0018	0.0027	0.6698	1.4930
10	Gastrointestinal 0.0174	0.0048	3.6642	0.2729
	Gehirn 0.0051	0.0055	0.9289	1.0765
	Haematopoetisch 0.0993	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0249	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0000	0.0129	0.0000	undef
15	Herz 0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Lunge 0.0261	0.0307	0.8506	1.1733
	Magen-Speiserohr 0.1062	0.0230	4.6197	0.2165
	Muskel-Skelett 0.0171	0.0180	0.9517	1.0508
20	Niere 0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas 0.0114	0.0000	undef	0.0000
	Penis 0.1258	0.1600	0.7862	1.2720
	Prostata 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus 0.0826	0.0000	undef	0.0000
25	Brust-Hyperplasie 0.0036			
	Duenn darm 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
	Samenblase 0.0178			
	Sinnesorgane 0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.1018			
	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
35	Entwicklung 0.0000			
	Gastrointestinal 0.0062			
	Gehirn 0.0000			
	Haematopoetisch 0.0000			
	Herz-Blutgefuesse 0.0000			
40	Lunge 0.0037			
	Niere 0.0000			
	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0000			
	Eierstock-Uterus 0.0000			
50	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0052			
	Gastrointestinal 0.0122			
	Haematopoetisch 0.0057			
	Haut-Muskel 0.0000			
55	Hoden 0.0000			
	Lunge 0.0410			
	Nerven 0.0000			
	Prostata 0.0449			
	Sinnesorgane 0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 67

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0093	0.0051	1.8185	0.5499
	Brust	0.0013	0.0044	0.3058	3.2702
	Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000	undef
10	Endokrines Gewebe	0.0073	0.0109	0.6698	1.4930
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0068	0.0055	1.2386	0.8074
	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0234	0.0000	undef
	Lunge	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0786	0.0554	1.4198	0.7043
25	Uterus	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duendarm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.1011			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0062			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0037			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0000			
	Endokrines Gewebe	0.0000			
55	Foetal	0.0082			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0078			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0030			
	Prostata	0.0128			
	Sinnesorgane	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 149

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0050	0.0136	0.3679	2.7181
	Blase	0.0078	0.0258	0.3017	3.3143
	Brust	0.0114	0.0225	0.5088	1.9654
	Dickdarm	0.0115	0.0085	1.3456	0.7432
10	Duennndarm	0.0192	0.0107	1.8036	0.5545
	Eierstock	0.0089	0.0095	0.9333	1.0715
	Endokrines_Gewebe	0.0209	0.0337	0.6195	1.6143
	Gehirn	0.0203	0.0170	1.1947	0.8371
	Haut	0.0367	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0186	0.0254	0.7324	1.3653
	Herz	0.0183	0.0137	1.3291	0.7524
	Hoden	0.0241	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0146	0.0160	0.8770	1.1402
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0126	2.2671	0.4411
20	Muskel-Skelett	0.0069	0.0074	0.9278	1.0778
	Niere	0.0157	0.0048	3.2497	0.3077
	Pankreas	0.0050	0.0221	0.2244	4.4570
	Prostata	0.0217	0.0169	1.2801	0.7812
	T_Lymphom	0.0076	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus	0.0163	0.0230	0.7068	1.4148
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0267	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0080			
	Penis	0.0161			
	Samenblase	0.0281			
30	Sinnesorgane	0.0118			
FOETUS					
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
35	Gastrointestinal	0.0111			
	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0108			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0303			
45	Prostata	0.0499			
	Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0253			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0070			
	Gastrointestinal	0.0366			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0227			
60	Hoden_n	0.0042			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0090			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0203			
	Prostata_n	0.0121			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 150

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0050		0.0000		undef	0.0000
	Blase	0.0078		0.0117		0.6638	1.5065
	Brust	0.0088		0.0155		0.5693	1.7566
	Dickdarm	0.0211		0.0028		7.4006	0.1351
10	Duenn darm	0.0027		0.0000		undef	0.0000
	Eierstock	0.0119		0.0024		4.9773	0.2009
	Endokrines_Gewebe	0.0032		0.0142		0.2263	4.4181
	Gehirn	0.0035		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0257		0.0000		undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0279		0.0000		undef	0.0000
	Herz	0.0071		0.0137		0.5169	1.9347
	Hoden	0.0040		0.0000		undef	0.0000
	Lunge	0.0292		0.0148		1.9723	0.5073
	Magen-Speiserohre	0.0000		0.0064		0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0017		0.0000		undef	0.0000
	Niere	0.0269		0.0000		undef	0.0000
	Pankreas	0.0165		0.0000		undef	0.0000
	Prostata	0.0141		0.0052		2.7132	0.3686
	T_Lymphom	0.0000		0.0000		undef	undef
25	Uterus	0.0044		0.0000		undef	0.0000
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000		0.0000		undef	undef
	Haematopoetisch	0.0040					
	Penis	0.0000					
	Samenblase	0.0070					
30	Sinnesorgane	0.0000					
FOETUS							
%Haeufigkeit							
35	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0056					
	Gehirn	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0039					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
40	Herz-Blutgefuesse	0.0036					
	Lunge	0.0145					
	Nebenniere	0.0254					
	Niere	0.0000					
	Placenta	0.0000					
45	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN							
%Haeufigkeit							
50	Brust	0.0000					
	Brust_t	0.0000					
	Dickdarm_t	0.0000					
	Eierstock_n	0.0000					
	Eierstock_t	0.0000					
55	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0058					
	Gastrointestinal	0.0244					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut-Muskel	0.0130					
60	Hoden_n	0.0000					
	Hoden_t	0.0000					
	Lunge_n	0.0293					
	Lunge_t	0.0000					
	Nerven	0.0020					
65	Niere_t	0.0000					
	Ovar_Uterus	0.0068					
	Prostata_n	0.0243					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000					

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 151

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0050	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0000	0.0070	0.0070	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0070	0.0098	0.0098	0.7157	1.3973	
	Dickdarm	0.0038	0.0028	0.0028	1.3456	0.7432	
10	Duenn darm	0.0082	0.0107	0.0107	0.7730	1.2937	
	Eierstock	0.0030	0.0119	0.0119	0.2489	4.0182	
	Endokrines_Gewebe	0.0048	0.0071	0.0071	0.6790	1.4727	
	Gehirn	0.0104	0.0120	0.0120	0.8704	1.1489	
	Haut	0.0037	0.0000	0.0000	undef	0.0000	
15	Hepatisch	0.0046	0.0063	0.0063	0.7324	1.3653	
	Herz	0.0010	0.0137	0.0137	0.0738	13.5431	
	Hoden	0.0000	0.0118	0.0118	0.0000	undef	
	Lunge	0.0010	0.0055	0.0055	0.1754	5.7011	
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0064	0.0064	0.0000	undef	
20	Muskel-Skelett	0.0086	0.0148	0.0148	0.5799	1.7246	
	Niere	0.0112	0.0193	0.0193	0.5803	1.7232	
	Pankreas	0.0017	0.0055	0.0055	0.2992	3.3427	
	Prostata	0.0057	0.0117	0.0117	0.4823	2.0732	
	T_Lymphom	0.0000	0.0149	0.0149	0.0000	undef	
25	Uterus	0.0015	0.0092	0.0092	0.1606	6.2251	
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0027	0.0000	0.0000	undef	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0080					
	Penis	0.0027					
	Samenblase	0.0070					
30	Sinnesorgane	0.0235					
FOETUS							
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0000					
35	Gastrointestinal	0.0028					
	Gehirn	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0039					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000					
	Lunge	0.0145					
	Nebenniere	0.0000					
	Niere	0.0000					
	Placenta	0.0061					
45	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN							
	%Haeufigkeit						
50	Brust	0.0000					
	Brust_t	0.0000					
	Dickdarm_t	0.0000					
	Eierstock_n	0.0000					
55	Eierstock_t	0.0101					
	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0006					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0000					
60	Haut-Muskel	0.0000					
	Hoden_n	0.0125					
	Hoden_t	0.0000					
	Lunge_n	0.0195					
	Lunge_t	0.0000					
65	Nerven	0.0100					
	Niere_t	0.0000					
	Ovar_Uterus	0.0068					
	Prostata_n	0.0121					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000					

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 152

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0250	0.0136	1.8395	0.5436
	Blase	0.0078	0.0070	1.1063	0.9039
	Brust	0.0097	0.0211	0.4592	2.1776
	Dickdarm	0.0192	0.0057	3.3639	0.2973
10	Duenn darm	0.0055	0.0213	0.2577	3.8812
	Eierstock	0.0178	0.0143	1.2443	0.8036
	Endokrines_Gewebe	0.0048	0.0177	0.2716	3.6818
	Gehirn	0.0191	0.0269	0.7092	1.4100
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0046	0.0063	0.7324	1.3653
	Herz	0.0233	0.0275	0.8491	1.1777
	Hoden	0.0161	0.0000	undef	0.0000
	Leber	0.0156	0.0129	1.2028	0.8314
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0192	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0086	0.0074	1.1597	0.8623
	Niere	0.0090	0.0096	0.9285	1.0770
	Pankreas	0.0083	0.0387	0.2137	4.6798
	Prostata	0.0057	0.0091	0.6202	1.6125
	T_Lymphom	0.0076	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus	0.0044	0.0000	undef	0.0000
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0246	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0094			
	Penis	0.0107			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
FOETUS					
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.1253			
35	Gastrointestinal	0.0305			
	Gehirn	0.0938			
	Haematopoetisch	0.0275			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0142			
	Lunge	0.0325			
	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0185			
	Placenta	0.0242			
45	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.1255			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				
50	Brust	0.0816			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
55	Eierstock_t	0.0354			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0741			
	Gastrointestinal	0.0366			
	Haematopoetisch	0.0000			
60	Haut-Muskel	0.1458			
	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0098			
	Lunge_t	0.0000			
65	Nerven	0.0191			
	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0248			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0155			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 153

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Blase	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0026	0.0141	0.0141	0.0141	0.1879	5.3230
	Dickdarm	0.0000	0.0057	0.0057	0.0057	0.0000	undef
10	Duennndarm	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0048	0.0048	0.0048	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0010	0.0010	0.0000	undef
	Haut	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0063	0.0063	0.0063	0.0000	undef
	Herz	0.0010	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0018	0.0018	0.0018	2.1049	0.4751
	Magen-Speiserohre	0.0141	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0022	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0009	0.0013	0.0013	0.0013	0.7235	1.3821
	T_Lymphom	0.0025	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus	0.0015	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0054	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Samenblase	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
30	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
		FOETUS					
		%Haeufigkeit					
	Entwicklung	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
35	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0039	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
40	Herz-Blutgefuesse	0.0071	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0036	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Nebenniere	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Placenta	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
45	Prostata	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
		%Haeufigkeit					
50	Brust	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust_t	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Dickdarm_t	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock_n	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
55	Eierstock_t	0.0051	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Foetal	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0257	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
60	Haut-Muskel	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden_n	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden_t	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge_n	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge_t	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
65	Nerven	0.0010	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere_t	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Ovar_Uterus	0.0023	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata_n	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 155

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0075	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0156	0.0047	3.3190	0.3013
	Brust	0.0035	0.0197	0.1789	5.5892
	Dickdarm	0.0096	0.0085	1.1213	0.8918
10	Duennndarm	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0059	0.0048	1.2443	0.8036
	Endokrines_Gewebe	0.0080	0.0124	0.6467	1.5464
	Gehirn	0.0058	0.0010	5.8026	0.1723
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0063	0.0000	undef
	Herz	0.0122	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0201	0.0112	1.6964	0.5895
	Lunge	0.0010	0.0074	0.1310	0.0015
	Magen-Speiseroehre	0.0217	0.0000	undef	0.0000
20	Muskel-Skelett	0.0051	0.0074	0.6958	1.4371
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0116	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0047	0.0065	0.7235	1.3821
	T_Lymphom	0.0101	0.0075	1.3525	0.7394
25	Uterus	0.0044	0.0046	0.9638	1.0375
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0048	0.0304	0.1578	6.3369
	Haematopoetisch	0.0040			
	Penis	0.0134			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0278			
35	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0142			
	Lunge	0.0108			
	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0061			
45	Prostata	0.0499			
	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
55	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0185			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
60	Haut-Muskel	0.0194			
	Hoden_n	0.0125			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
65	Nerven	0.0141			
	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0135			
	Prostata_n	0.0121			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 156

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0075	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0000	0.0188	0.0000	undef
	Brust	0.0026	0.0056	0.4697	2.1292
	Dickdarm	0.0038	0.0000	undef	0.0000
10	Duenn darm	0.0055	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0059	0.0048	1.2443	0.8036
	Endokrines_Gewebe	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0017	0.0030	0.5803	1.7234
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0046	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0051	0.0137	0.3692	2.7086
	Hoden	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0049	0.0129	0.3759	2.6605
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0017	0.0037	0.4639	2.1557
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0110	0.1496	6.6855
	Prostata	0.0000	0.0013	0.0000	undef
	T_Lymphom	0.0051	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus	0.0148	0.0046	3.2128	0.3113
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0053			
	Penis	0.0027			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0353			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0118
	Haut	0.0000
40	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0072
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0124
45	Placenta	0.0242
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Brust_t	0.0000
	Dickdarm_t	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
55	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0151
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
60	Haut-Muskel	0.0259
	Hoden_n	0.0000
	Hoden_t	0.0000
	Lunge_n	0.0195
	Lunge_t	0.0000
65	Nerven	0.0090
	Niere_t	0.0000
	Ovar_Uterus	0.0135
	Prostata_n	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 157

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0100	0.0136	0.7358	1.3590
	Blase	0.0000	0.0070	0.0000	undef
	Brust	0.0106	0.0141	0.7515	1.3308
	Dickdarm	0.0057	0.0114	0.5046	1.9818
10	Duenn darm	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0208	0.0215	0.9678	1.0333
	Endokrines_Gewebe	0.0193	0.0408	0.4724	2.1170
	Gehirn	0.0087	0.0110	0.7913	1.2638
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0190	0.0000	undef
	Herz	0.0101	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0361	0.0118	3.0535	0.3275
	Lunge	0.0117	0.0185	0.6315	1.5836
	Magen-Speiserohre	0.0072	0.0000	undef	0.0000
20	Muskel-Skelett	0.0017	0.0369	0.0464	21.5570
	Niere	0.0201	0.0337	0.5969	1.6754
	Pankreas	0.0149	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0132	0.0247	0.5331	1.8758
	T_Lymphom	0.0177	0.0299	0.5917	1.6900
	Uterus	0.0059	0.0046	1.2851	0.7781
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0219	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0094			
	Penis	0.0161			
	Samenblase	0.0070			
30	Sinnesorgane	0.0353			
FOETUS					
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
35	Gastrointestinal	0.0167			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0142			
	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0185			
	Placenta	0.0061			
45	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0126			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
55	Eierstock_t	0.0203			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0209			
	Gastrointestinal	0.0366			
	Haematopoetisch	0.0000			
60	Haut-Muskel	0.0972			
	Hoden_n	0.0251			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0098			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0151			
	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0450			
	Prostata_n	0.0303			
	Sinnesorgane	0.0310			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 158

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0075	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0156	0.0070	2.2127	0.4519
	Brust	0.0088	0.0155	0.5693	1.7566
	Dickdarm	0.0077	0.0057	1.3456	0.7432
10	Duendarm	0.0082	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0024	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0016	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0041	0.0209	0.1934	5.1701
	Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0190	0.0000	undef
	Herz	0.0041	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0120	0.0118	1.0178	0.9825
	Lunge	0.0145	0.0055	2.6311	0.3801
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0051	0.0148	0.3479	2.8743
	Niere	0.0045	0.0096	0.4642	2.1540
	Pankreas	0.0017	0.0055	0.2992	3.3427
	Prostata	0.0047	0.0065	0.7235	1.3821
	T_Lymphom	0.0051	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus	0.0163	0.0276	0.5890	1.6977
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0053			
	Penis	0.0107			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
FOETUS					
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
35	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0035			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0061			
45	Prostata	0.0499			
	Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
55	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0041			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0257			
60	Haut-Muskel	0.0194			
	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0098			
	Lunge_t	0.0000			
65	Nerven	0.0060			
	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0068			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 159

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0050	0.0407	0.1226	8.1542
	Blase	0.0000	0.0047	0.0000	undef
	Brust	0.0097	0.0098	0.9840	1.0162
	Dickdarm	0.0077	0.0171	0.4485	2.2295
10	Duennndarm	0.0055	0.0107	0.5153	1.9406
	Eierstock	0.0089	0.0072	1.2443	0.8036
	Endokrines_Gewebe	0.0064	0.0106	0.6036	1.6568
	Gehirn	0.0075	0.0090	0.8382	1.1931
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0093	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0059	1.3571	0.7369
	Lunge	0.0063	0.0055	1.2278	0.8144
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0064	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0045	0.0096	0.4642	2.1540
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0066	0.0013	5.0646	0.1974
	T_Lymphom	0.0101	0.0075	1.3525	0.7394
25	Uterus	0.0044	0.0230	0.1928	5.1876
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0041	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0147			
	Penis	0.0027			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
FOETUS					
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
35	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0072			
	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0247			
	Placenta	0.0121			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0126			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0203			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0087			
	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0257			
60	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden_n	0.0209			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
65	Nerven	0.0030			
	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0090			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0774			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 160

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Blase	0.0078	0.0023	3.3190	0.3013
	Brust	0.0009	0.0084	0.1044	9.5814
	Dickdarm	0.0057	0.0000	undef	0.0000
10	Duenn darm	0.0027	0.0107	0.2577	3.8812
	Eierstock	0.0030	0.0048	0.6222	1.6073
	Endokrines_Gewebe	0.0016	0.0018	0.9054	1.1045
	Gehirn	0.0041	0.0040	1.0155	0.9848
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0186	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0017	0.0037	0.4639	2.1557
	Niere	0.0045	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0055	0.2992	3.3427
	Prostata	0.0009	0.0000	undef	0.0000
	T_Lymphom	0.0076	0.0075	1.0143	0.9859
25	Uterus	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0041	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0040			
	Penis	0.0080			
	Samenblase	0.0070			
30	Sinnesorgane	0.0000			
FOETUS					
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
35	Gastrointestinal	0.0111			
	Gehirn	0.0125			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0121			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
55	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0490			
	Foetal	0.0058			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
60	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
65	Nerven	0.0020			
	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0045			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 161

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0078	0.0047	1.6595	0.6026
	Brust	0.0009	0.0084	0.1044	9.5814
	Dickdarm	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Duendarm	0.0000	0.0107	0.0000	undef
	Eierstock	0.0000	0.0048	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0064	0.0106	0.6036	1.6568
	Gehirn	0.0058	0.0050	1.1605	0.8617
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0190	0.0000	undef
	Herz	0.0041	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0040	0.0118	0.3393	2.9475
	Lunge	0.0039	0.0018	2.1049	0.4781
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0022	0.0048	0.4642	2.1540
	Pankreas	0.0050	0.0055	0.8975	1.1142
	Prostata	0.0848	0.0651	1.3023	0.7679
	T_Lymphom	0.0076	0.0075	1.0143	0.9859
25	Uterus	0.0059	0.0046	1.2851	0.7781
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0041	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0027			
	Penis	0.0027			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
FOETUS					
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
35	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0507			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0121			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
55	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0104			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
60	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden_n	0.0084			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
65	Nerven	0.0050			
	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0000			
	Prostata_n	0.0546			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 201

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Brust	0.0027	0.0305	0.0874	11.4458
	Eierstock	0.0030	0.0833	0.0365	27.3828
10	Endokrines Gewebe	0.0018	0.0109	0.1674	5.9721
	Gastrointestinal	0.0000	0.0048	0.0000	undef
	Gehirn	0.0576	0.0548	1.0528	0.9499
	Haematopoetisch	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0099	0.1693	0.0587	17.0262
15	Hepatisch	0.0446	0.1812	0.2459	4.0660
	Herz	0.0138	0.0137	1.0020	0.9980
	Hoden	0.0000	0.1052	0.0000	undef
	Lunge	0.0087	0.0851	0.1024	9.7640
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0230	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0274	0.2820	0.0972	10.2887
	Niere	0.3448	0.4245	0.8123	1.2311
	Pankreas	0.1268	0.0387	3.2814	0.3047
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
25	Uterus	0.0033	0.0427	0.0774	12.9263
	Brust-Hyperplasie	0.0073			
	Duennndarm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.1958			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0922
	Gastrointestinal	0.0247
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0079
40	Herz-Blutgefuesse	0.0123
	Lunge	0.0037
	Niere	0.0062
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.1815

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
	Brust	0.0000
50	Eierstock-Uterus	0.0000
	Endokrines Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0134
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
55	Haut-Muskel	0.0032
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0164
	Nerven	0.0231
	Prostata	0.0064
60	Sinnesorgane	0.0310

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 202

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0792	0.0000	undef
	Brust	0.0040	0.0261	0.1529	6.5404
	Eierstock	0.0091	0.0156	0.5843	1.7114
	Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0027	1.3396	0.7465
10	Gastrointestinal	0.0174	0.0143	1.2214	0.8187
	Gehirn	0.0000	0.0044	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0056	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0199	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0198	0.0647	0.3061	3.2673
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0224	0.0118	1.8962	0.5274
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0178	0.0068	2.6050	0.3839
	Pankreas	0.0019	0.0331	0.0571	17.5010
	Penis	0.0060	0.0800	0.0749	13.3560
	Prostata	0.0095	0.0064	1.4915	0.6705
	Uterus	0.0017	0.0000	undef	0.0000
25	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duendarm	0.0031			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0235			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
FOETUS					
	%Haeufigkeit				
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0092			
	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
40	Lunge	0.0259			
	Niere	0.0062			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0068			
50	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0274			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
55	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0410			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0064			
	Sinnesorgane	0.0000			

2.2 Fisher-Test

Um zu entscheiden, ob eine Partial-Sequenz S eines Gens in einer Bibliothek für Normal-Gewebe signifikant häufiger oder seltener vorkommt als in einer Bibliothek für entartetes Gewebe, wird Fishers Exakter Test, ein statistisches Standardverfahren (Hays, W. L., (1991) Statistics, Harcourt Brace College Publishers, Fort Worth), durchgeführt.

Die Null-Hypothese lautet: die beiden Bibliotheken können bezüglich der Häufigkeit zu S homologer Sequenzen nicht unterschieden werden. Falls die Null-Hypothese mit hinreichend hoher Sicherheit abgelehnt werden kann, wird das zu S gehörende Gen als interessanter Kandidat für ein Krebs-Gen akzeptiert, und es wird im nächsten Schritt versucht, eine Verlängerung seiner Sequenz zu erreichen.

15 Beispiel 3

Automatische Verlängerung der Partial-Sequenz

20

Die automatische Verlängerung der Partial-Sequenz S vollzieht sich in drei Schritten:

1. Ermittlung aller zu S homologen Sequenzen aus der Gesamtmenge der zur Verfügung stehenden Sequenzen mit Hilfe von BLAST
2. Assemblierung dieser Sequenzen mittels des Standardprogramms GAP4 (Bonfield, J. K., Smith, K. F., und Staden R. (1995), Nucleic Acids Research 23 4992-4999) (Contig-Bildung).
3. Berechnung einer Konsens-Sequenz C aus den assemblierten Sequenzen

Die Konsens-Sequenz C wird im allgemeinen länger sein als die Ausgangssequenz S . Ihr elektronischer Northern-Blot wird demzufolge von dem für S abweichen. Ein erneuter Fisher-Test entscheidet, ob die Alternativ-Hypothese der Abweichung von einer gleichmäßigen Expression in beiden Bibliotheken aufrechterhalten werden kann. Ist dies der Fall, wird versucht, C in gleicher Weise wie S zu verlängern. Diese Iteration wird mit der jeweils erhaltenen Konsensus-Sequenzen C_i (i : Index der Iteration) fortgesetzt, bis die Alternativ-Hypothese verworfen wird (if H_0 Exit; Abbruchkriterium I) oder bis keine automatische Verlängerung mehr möglich ist (while $C_i > C_{i-1}$; Abbruchkriterium II).

Im Fall des Abbruchkriteriums II bekommt man mit der nach der letzten Iteration vorliegenden Konsens-Sequenz eine komplette oder annähernd komplette Sequenz eines Gens, das mit hoher statistischer Sicherheit mit Krebs in Zusammenhang gebracht werden kann.

Analog der oben beschriebenen Beispiele konnten die in der Tabelle I beschriebenen Nukleinsäure-Sequenzen aus Brusttumorgewebe gefunden werden. Ferner konnten zu den einzelnen Nukleinsäure-Sequenzen die Peptidsequenzen (ORF's) bestimmt werden, die in der Tabelle II aufgelistet sind, wobei wenigen

Nukleinsäure-Sequenzen kein Peptid zugeordnet werden kann und einigen Nukleinsäure-Sequenzen mehr als ein Peptid zugeordnet werden kann. Wie bereits oben erwähnt, sind sowohl die ermittelten Nukleinsäure-Sequenzen, als auch die den Nukleinsäure-Sequenzen zugeordneten Peptid-Sequenzen Gegenstand der
5 vorliegenden Erfindung.

Beispiel 4

Kartierung der Nukleinsäure-Sequenzen auf dem humanen Genom

10 Die Kartierung der humanen Gene erfolgte unter Verwendung des Stanford G3 Hybrid-Panels (Stewart et al., 1997), der von Research Genetics, Huntsville, Alabama vertrieben wird. Dieses Panel besteht aus 83 verschiedenen genomischen DNAs von Mensch-Hamster Hybridzelllinien und erlaubt eine Auflösung von 500 Kilobasen. Die
15 Hybridzelllinien wurden durch Fusion von bestrahlten diploiden menschlichen Zellen mit Zellen des Chinesischen Hamsters gewonnen. Das Rückhaltungsmuster der humanen Chromosomenfragmente wird mittels genspezifischer Primer in einer Polymerase-Kettenreaktion bestimmt und mit Hilfe der vom Stanford RH Server verfügbaren Software analysiert (http://www.stanford.edu/RH/rhserver_form2.html). Dieses
20 Programm bestimmt den STS-Marker, der am nächsten zum gesuchten Gen liegt. Die entsprechende zytogenetische Bande wurde unter Verwendung des "Mapview"-Programms der Genome Database (GDB), (<http://gdbwww.dkfz-heidelberg.de>) bestimmt.

25 Neben dem kartieren von Genen auf dem menschlichen Chromosomensatz durch verschiedene experimentelle Methoden ist es möglich die Lage von Genen auf diesem durch bioinformatische Methoden zu bestimmen. Dazu wurde das bekannte Programm e-PCR eingesetzt (Schuler GD (1998) Electronic PCR: bridging the gap between genome mapping and genome sequencing. Trends Biotechnol 16; 456-459, Schuler GD (1997) Sequence mapping by electronic PCR. Genome Res 7; 541-550). Die dabei
30 eingesetzte Datenbank entspricht nicht mehr der in der Literatur angegebenen, sondern ist eine Weiterentwicklung, welche Daten der öffentlichen Datenbank RHdb (<http://www.ebi.ac.uk/RHdb/index.html>) einschließt. Analog zu der Kartierung durch die Hybrid-Panels erfolgte eine Auswertung der Ergebnisse mit der obengenannten Software und der Software des Whitehead-Institutes (<http://carbon.wi.mit.edu:8000/cgi-bin/contig/rhmapper.pl>).
35

40 Beispiel 5: Gewinnung von genomischen DNA-Sequenzen (BAC-Klonen)

Die den differentiellen cDNAs entsprechenden genomischen Sequenzen wurden aus kommerziellen BAC-Bibliotheken isoliert. Verwendet wurden BAC-Bibliotheken von der
45 Firma Genome Systems, St. Louis MO, die aus humanen Lymphozyten hergestellt wurden (<http://www.genomesystems.com>) und solche der Firma Research Genetics, die wie folgt beschrieben wurden: Shizuya, H.; B. Birren, U-J. Kim, V. Mancino, T. Slepak, Y. Tachiiri, M. Simon (1992) Proc. Natl. Acad. Sci., USA 89: 8794-8797; <http://www.tree.caltech.edu/>. Aus diesen Bibliotheken wurden die BAC-Klone mit der
50 Prozedur des "down-to-the-well" isoliert. Bei diesem Verfahren wird eine Bibliothek bestehend aus BAC-Klonen (die Bibliothek überdeckt ca. 3 x das humane Genom) in

verschiedene Gruppen (pools) kombiniert. Dies geschieht in einer solchen Weise, daß nach der Durchführung einer genspezifischen PCR in den verschiedenen Pools eine eindeutige Klon-Zuordnung möglich ist. Diese Adresse zusammen mit dem Namen der verwendeten Bibliothek legen die Klone und damit die DNA-Sequenz dieser Klone eindeutig fest.

- 5 Die nachfolgenden Beispiele erläutern die erfolgreiche Isolierung der genomischen BAC-Klone ohne diese darauf zu beschränken.

- 10 Die verwendete Bibliotheken von Genome Systems waren CITB B und CITB C. Klone aus der Bibliothek von Genome Systems sind unterstrichen.

Brust Tumor		Identifizierte BACs				
Seq. ID	Nr.					
3	431/F/22	461/J/18	276/D/4	360/G/5	276/D/5	
7	241/D/11					
9	<u>13/M/23</u>	<u>102/H/20</u>	<u>210/O/17</u>	<u>278/B/10</u>	<u>278/B/20</u>	
10	<u>319/P/11</u>	<u>492/J/15</u>				
23	565/E/8					
25	<u>38/D/4</u>	<u>60/B/17</u>	<u>70/K/14</u>			
39	<u>425/C/18</u>					
42	221/L/9	407/M/9				
43	233/F/11	411/C/6	411/C/8	461/C/20		
45	557/D/15					
58	222/C/8	431/O/16				

TABELLE I

Seq.-ID Nr.	Expression	Funktion	Modul	Länge der angemeldeten Sequenz (bp)	Chromosomale Lokalisation	Marker
2	im Brusttumor überexprimiert	Ein 17-kDA Interferon-induziertes Gen über dessen Funktion nichts publiziert ist.	2x "UBIQUITIN_2"	670	1p36.31-p36.32	stSG29288 (D1S243-D1S468)
3	im Brusttumor überexprimiert	Vermutlich das humane Ortholog des 5E5-Antigens der Ratte, hierbei handelt es sich wahrscheinlich um einen Transkriptionsfaktor.		1845	19q13.2	SHGC-11892 (SHGC-5919-D19S1071)
4	im Brusttumor überexprimiert	Das humane "alpha-2-macroglobulin receptor-associated protein" gehört zu einem "Proteinase-Scavenging-System", das Proteinase-Aktivität abfängt.		1499	4p16.3	D4S412-D4S2925
5	im Brusttumor überexprimiert	Das humane "macrophage migration inhibition factor related protein 14 (MRP-14)" spielt wahrscheinlich eine Rolle bei der Immunmodulation.	"EF_HAND_2"	688	1q21.2-q21.3	WI-6071 (D1S305-D1S635)
6	im Brusttumor überexprimiert	Das humane Lamin B2 (LAMB2) bildet u.a. die nukleäre Lamina, welche unterhalb der inneren Zellmembran des Zellkerns liegt. Sie spielt eine wichtige Rolle bei der Regulation der Kernstruktur während des Zellzyklus und der Transkription.		909	19p13.3	D19S886-D19S216








Seq.-ID Nr.	Expression	Funktion	Modul	Länge der angemeldeten Sequenz (bp)	Chromosomale Lokalisation	Marker
7	im Brusttumor überexprimiert	Vermutlich die regulatorische Untereinheit eines RNA-bindenden Proteins, über dessen Funktion noch nichts publiziert wurde.		930	p36.23-p36.31	D1S253-D1S450
8	im Brusttumor überexprimiert	Das humane Antioxidant Enzym AOE37-2, welches vermutlich eine Peroxidase darstellt (Peroxioredoxin-Familie). Diese schützen die Zelle vor oxidativen Prozessen.	"AhpC-TSA"	989	unbekannt	unbekannt
9	im Brusttumor überexprimiert	unbekannt		2017	8p12-p11.23	AFM023xc1 alias D8S255 (WI-7590-SHGC-5722)
11	im Brusttumor überexprimiert	Das humane "macrophage capping protein", neuerdings "CapG" genannt, reguliert über die Aktine die Zellbeweglichkeit.	"Gelsolin"	1365	2p11.2-2p12	D2S289-D2S388
12	im Brusttumor überexprimiert	Ein Östrogen-induzierbares Gen (LIV-1), dessen Funktion noch nicht verstanden ist.		1597	18q12.2-q12.3	WI-14709
13	im Brusttumor überexprimiert	Die humane "integrin-linked kinase (ILK)" steuert den Zusammenbau der Fibrinectin-Matrix und hemmt die Synthese von E-Cadherin. ILK-überexprimierende Zellen erzeugen Tumoren in Nacktmäusen.	3x "ank"; 2x "pkinase"	1780	11p15.3-15.5	D11S1318-D11S1338



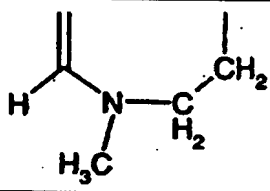
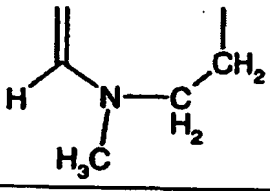

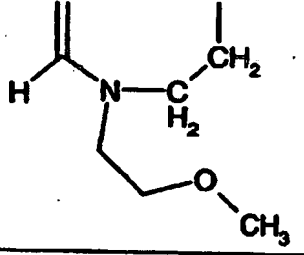
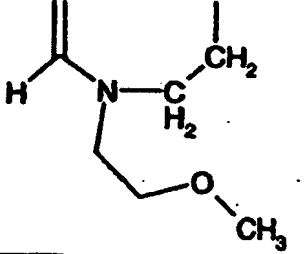
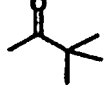
HPS Trailer Page
for
WEST

UserID: rdeberry
Printer: rem_04c70_gbuqptr

Summary

<u>Document</u>	<u>Pages</u>	<u>Printed</u>	<u>Missed</u>	<u>Copies</u>
WO009947669A2	90	90	0	1
Total (1)	90	90	0	-

Nr.	R ₁	R ₃	R ₆	R ₇	R ₈	G ₂	Physik. Daten
3.04	Ethynyl	Ethyl	$-\text{CH}_2\text{CH}_2-$		-Allyl	-H	
3.05	Ethyl	Ethyl	$-\text{CH}_2\text{C}(\text{Cl})_2-$		-Me		
3.06	Ethyl	Ethyl	$-(\text{CH}_2)_2-$		-Me	-H	
3.07	Ethyl	Ethyl	$-(\text{CH}_2)_2\text{CH}(\text{CH}_3)-$ $(\text{CH}_2)_2$		-Me	-H	
3.08	Ethyl	Ethyl	$-(\text{CH}_2)_2\text{C}(\text{CH}_3)_2-$ $(\text{CH}_2)_2$		-Me	-H	
3.09	Ethynyl	Ethyl	$-(\text{CH}_2)_4-$		-Me	-H	
3.10	MeO-	Ethyl	$-(\text{CH}_2)_2-$		-H	-H	
3.11	MeO-	Ethyl	$-(\text{CH}_2)_2-$		-Methyl		
3.12	$-\text{C}(\text{O})\text{CH}_3$	Ethyl	$-(\text{CH}_2)_2-$		Methyl	-H	
3.13	$-\text{OCHF}_2$	Ethyl	$-(\text{CH}_2)_2-$		Methyl		
3.14	Ethyl	Ethyl	$-(\text{CH}_2)_5-$		Methyl		
3.15	Ethyl	Ethyl	$-(\text{CH}_2)_5-$		-H	-H	Smp. 222- 224°C
3.16	Ethyl	Ethyl	$-(\text{CH}_2)_5-$		-H		Smp. 147- 149°C
3.17	Ethyl	Ethyl	Methyl	Methyl	-H	-H	Smp. 244- 246°C
3.18	Ethyl	Ethyl	Methyl	Methyl	-H		Smp. 164- 166°C
3.19	Ethyl	Ethyl	$-(\text{CH}_2)_5-$		$-n\text{-C}_4\text{H}_9$	-H	Smp. 170- 175°C
3.20	Ethyl	Ethyl	$-(\text{CH}_2)_5-$		$-n\text{-C}_4\text{H}_9$		Smp. 99- 101°C

Nr.	R ₁	R ₃	R ₆	R ₇	R ₈	G ₂	Physik. Daten
3.21	Ethyl	Ethyl	-(CH ₂) ₅ -		C ₃ H ₅ OMe	-H	fest
3.22	Ethyl	Ethyl	Methyl	Methyl	Methyl		Smp. 94-101°C
3.23	Ethyl	Ethyl	-(CH ₂) ₅ -		Methyl	-H	Smp. 252-262°C
3.24	Ethyl	Ethyl	-(CH ₂) ₅ -		Methyl		Smp. 127-128°C
3.25	Ethyl	Ethyl				-H	kristallin
3.26	Ethyl	Ethyl					Wachs
3.27	Ethyl	Ethyl				-H	kristallin
3.28	Ethyl	Ethyl					kristallin

Seq.-ID Nr.	Expression	Funktion	Modul	Länge der angemeldeten Sequenz (bp)	Chromosomale Lokalisation	Marker
33	im Brusttumor überexprimiert	Der humane Benzodiazepin-Rezeptor.		890	22q13.33	PC106 (SHGC-7735-PH130)
35	im Brusttumor überexprimiert	Die humane Ubiquitin Oxidoreduktase.		693	5p13.1-q11.2	sts-H45672 (D5S628-D5S474)
36	im Brusttumor überexprimiert	Eine neue ATPase, welche zur Familie der Kinesine gehört.		1054	unbekannt	unbekannt
37	im Brusttumor überexprimiert	Der Monocyte/Macrophagen "Ig-related receptor MIR-7".		541	12q14.2-q14.3	SHGC-33073 (SHGC-35867-D12S1722)
38	im Brusttumor überexprimiert	unbekannt		1187	unbekannt	unbekannt
39	im Brusttumor überexprimiert	Eine neue putative Serin-/Threoninkinase.	"pkinase", "pkinase_C"	2281	6p22.33	WI-13202
40	im Brusttumor überexprimiert	Das putatives Kupfer-Aufnahme Protein hCTR2.		1759	9p31.3-q32	WI-11879
41	im Brusttumor überexprimiert	Die humane Alpha Galaktosidase A.		144	22.2-q23	DXS1231-DXS1059
42	im Brusttumor überexprimiert	unbekannt		831	10p32.1-1q32.2	AFMa082wf9 (SHGC-12033-AFM224xc1)

Seq. ID Nr.	Expression	Funktion	Modul	Länge der angemeldeten Sequenz (bp)	Chromosomale Lokalisation	Marker
43	im Brusttumor überexprimiert	Diese neue Sequenz hat eine gewisse Homologie zur Benzoat-Coenzym A Ligase.		528	17q21.33	SHGC-31935 (NIB1385-SHGC-30378)
44	im Brusttumor überexprimiert	7TM-Protein		1027	22q13.33	AFMb040xd1 (SHGC-11380-AFMa151xe9)
45	im Brusttumor überexprimiert	Die humane Phosphatase 2A B56 (PP2A).		2160	132.2-q32.3	WI-7329 (AFM203zb6-AFM156xg7)
46	im Brusttumor überexprimiert	HUMANES Homologes zu einem Maus co-Chaperonin; Hs.24930; Homo sapiens cofactor A protein mRNA		642	unbekannt	unbekannt
47	im Brusttumor überexprimiert	Homolog zu einem imprinted Gen von Chromosom 11; Hs.110222		1415	1q32.1	sts-F17262 (D1S2622-D1S306)
48	im Brusttumor überexprimiert	Vermutlich das humane Ortholog einer ATP-abhängigen RNA-Helicase.	"HELICASE"	2949	10q26.11	AFM200yh6 (SHGC-13473-AFMb021zd1)
49	im Brusttumor überexprimiert	Kopplungsfaktor F6 ist eine Komponente der mitochondrialen ATP-Synthase, welcher für die Interaktion des katalytischen und protonenübertragenden Segments erforderlich ist; Hs.73851		665	ur bekannt	unbekannt

Seq. ID Nr.	Expression	Funktion	Modul	Länge der angemeldeten Sequenz (bp)	Chromosomale Lokalisation	Marker
50	im Brusttumor überexprimiert	unbekannt		904	5p15.31-15.33	D5S426- D5S455
51	im Brusttumor überexprimiert	neue humane ATPase		1239	132	ATC7 (SHGC- 8827- SHGC- 14379)
52	im Brusttumor überexprimiert	unbekannt; Hs.10927		966	19p13.3-p13.2	stSG8216 (pTEL- D19S413)
53	im Brusttumor überexprimiert	Homologes zum NAG-2 Gen; Hs.26518	"transmembrane4"	556	11p15.3-p15.5	sts-W47645 (D11S1318- D11S909)
54	im Brusttumor überexprimiert	Arginin Methyltransferase; Hs.20521	"SAM_BIND"	1349	19q13.13- q13.33	D66904 (D19S425- D19S418)
55	im Brusttumor überexprimiert	unbekannt; Hs.5241		2021	11q11.2-17q12	sts-F18808 (D17S933- D17S800)
56	im Brusttumor überexprimiert	Stromelysin	"hemopexin"	900	22q11.23-q12.1	D22S446- D22S419 (SHGC- 2886- SHGC- 33862)

Seq. ID Nr.	Expression	Funktion	Modul	Länge der angemeldeten Sequenz (bp)	Chromosomale Lokalisation	Marker
57	im Brusttumor überexprimiert	humanes GTP bindendes Protein		1212	Yp11.3 bzw. Xq22.33-Xq22.32	SHGC-5419 alias DXYS153 (DYS290-DXYS136)
58	im Brusttumor überexprimiert	Homologes zu Prostata bindendem Protein, Untereinheit C-1	"Uteroglobin"	494	11p11.2-q13.1	GATA8A08-SHGC-31731
59	im Brusttumor überexprimiert	unbekannt	"Ribosomal_L21p"	729	12q14.1	D12S335
61	im Brusttumor überexprimiert	Glucose-6-phosphate dehydrogenase Homolog	2x "IMPDH"	1315	13q11.1-q11.2	SHGC-11217 (SHGC-31972-AFM084yat1)
62	im Brusttumor überexprimiert	unbekannt	"NLS_BP"	2011	11q12.1	SHGC-34581 (D16S3363 E-D16S3334)
63	im Brusttumor überexprimiert	unbekannt		2009	1p21.1	SHGC-32788
64	im Brusttumor überexprimiert	Ets Transkriptionsfaktor	"Ets"	2269	1c32.2	unbekannt
65	im Brusttumor überexprimiert	IL13 Rezeptor alpha-1 Kette		1874	Xq23	SHGC-37555

Seq. ID Nr.	Expression	Funktion	Modul	Länge der angemeldeten Sequenz (bp)	Chromosomale Lokalisation	Marker
66	im Brusttumor überexprimiert	Inhibition der Zellteilung und der Makrophagen Aktivität. Protein-Kinasen Inhibitor		687	1.21.2-q21.3	D1S305-D1S2635
67	im Brusttumor überexprimiert	möglicherweise eine Dehydrogenase		1528	unbekannt	unbekannt
149	im Brusttumor überexprimiert	Verlängerung zu Seq. ID Nr. 4		1624	4p16.3	D4S412-D4S2925
150	im Brusttumor überexprimiert	Verlängerung zu Seq. ID Nr. 9		1756	12-p11.23	AFM023xc1 alias D8S255 (WI-7590-SHGC-5722)
151	im Brusttumor überexprimiert	Verlängerung zu Seq. ID Nr. 25		1638	18q23	SHGC-30832 (SHGC-32075-SHGC-17251)
152	im Brusttumor überexprimiert	Verlängerung zu Seq. ID Nr. 27		2589	21q21.3-q22.12	A006Y36 (D21S260-D21S261)

Seq.-ID Nr.	Expression	Funktion	Modul	Länge der angemeldeten Sequenz (bp)	Chromosomale Lokalisation	Marker
153	im Brusttumor überexprimiert	Verlängerung zu Seq. ID Nr. 44		2933	2q13.33	AFMb040xd 1(SHGC- 11380- AFMa151xe 9)
154	im Brusttumor überexprimiert	Verlängerung zu Seq. ID Nr. 45		3234	1q32.2-q32.3	WI-7329 (AFM203zb 6- AFM156xg7)
155	im Brusttumor überexprimiert	Verlängerung zu Seq. ID Nr. 48		3080	10q26.11	AFM200yh6 (SHGC- 13473- AFMb021zd 1)
156	im Brusttumor überexprimiert	Verlängerung zu Seq. ID Nr. 50		24075	15p15.31-15.33	D5S426- D5S455
157	im Brusttumor überexprimiert	Verlängerung zu Seq. ID Nr. 51		16256	5p32	ATC7 (SHGC- 8827- SHGC- 14379)

Seq. ID Nr.	Expression	Funktion	Modul	Länge der angemeldeten Sequenz (bp)	Chromosomale Lokalisation	Marker
158	im Brusttumor überexprimiert	Verlängerung zu Seq. ID Nr. 53		1402	1p15.3-p15.5	sts-W47645 (D11S1318-D11S909)
159	im Brusttumor überexprimiert	Verlängerung zu Seq. ID Nr. 62		2159	1q12.1	SHGC-34581 (D16S33363 E-D16S33334)
160	im Brusttumor überexprimiert	Verlängerung zu Seq. ID Nr. 63		2795	1p21.1	SHGC-32788
161	im Brusttumor überexprimiert	Verlängerung zu Seq. ID Nr. 67		1711	unbekannt	unbekannt
201	im Brusttumor überexprimiert	Das humane Osteopontin.	"Osteopontin"	17124	21.23-q22.1	D4S1542
202	im Brusttumor überexprimiert	Proteoglycan		1610	23.1-23.2	D2S387 (D2S171-D2S320)

TABELLE II

DNA-Sequenz Seq. ID. No.	Peptid-Sequenz (ORF's) Seq. ID. No				
3	71				
9	72	73	74	75	76
14	77				
16	78				
17	79				
18	81				
19	82				
20	83				
21	84	85	86	87	
23	88	89			
24	90				
25	91				
27	92	93			
29	94				
31	95	96	97	98	
33	99	100			
35	101				
36	102				
38	103				
39	104				
40	105				
41	106				
42	107				
43	108	109	110		
44	111	112	113		
46	114				
47	115	116			
48	117				
49	118	119			
50	120				
51	121				
52	123				
53	126				
54	128				
55	129	130	131	132	133
56	134	135			
57	136				
58	137				
59	138	139			
61	140				
62	141				
63	142	143	144		
64	145				
66	146				
67	147				
149	162	163	164		

DNA-Sequenz Seq. ID. No.	Peptid-Sequenz (ORF's) Seq. ID. No		
150	165	166	167
151	168		
152	172		
153	174		
154	177	178	179
155	180		
156	183	184	185
157	187		
158	190		
159	192	193	194
160	195	196	197
161	198		

Die erfinderischen Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 2-67, 149-161, 201-202 der ermittelten Kandidatengene und die ermittelten Aminosäure-Sequenzen Seq. ID No 71-148, 162-200 werden in dem nachfolgenden Sequenzprotokoll beschrieben.

Sequenzprotokoll

(1) ALLGEMEINE INFORMATION:

(i) ANMELDER:

- (A) NAME: metaGen - Gesellschaft für Genomforschung mbH
- (B) STRASSE: Ihnestrasse 63
- (C) STADT: Berlin
- (E) LAND: Deutschland
- (F) POST CODE (ZIP): D-14195
- (G) TELEFON: (030)-8413 1672
- (H) TELEFAX: (030)-8413 1671

- (ii) TITEL DER ERFINDUNG: Menschliche Nukleinsäure-Sequenzen aus Brusttumorgewebe

- (iii) Anzahl der Sequenzen: 143

(iv) COMPUTER READABLE FORM:

- (A) MEDIUM TYPE: Floppy disk
- (B) COMPUTER: IBM PC compatible
- (C) OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
- (D) SOFTWARE: Patentin Release #1.0, Version #1.25 (EPO)

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 2:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 670 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:2 :

```

atagggccgg tgctgcctgc ggaagccggc ggctgagagg cagcgaactc atctttgcca 60
gtacaggagc tctgtccgtg gcccacagcc cacagcccac agccatgggc tgggacctga 120
cgggtgaagat gctggcgggc aacgaattcc aggtgtccct gagcagctcc atgtcgggtgt 180
cagagctgaa ggcgagatc acccagaaga tcggcgtgca cgccttcag cagcgtctgg 240
ctgtccaccc gagcgggtgtg gcgctgcagg acagggctcc ccttgccagc cagggcctgg 300
gccccggcag cagcgtcctg ctggtggtgg acaaatgcga cgaacctctg agcatcctgg 360
tgaggaataa caagggccgc agcagcacct acgaggtgcg gctgacgcag accgtggccc 420
acctgaagca gcaagtgagc gggctggagg gtgtgcagga cgacctgttc tggctgacct 480
tcgaggggaa gcccttgag gaccagctcc cgctggggga gtacggcctc aatccccga 540
gacccgtgct catgaacctg gggcgccac agagcctggc gggcggagct 600
aagggcctcc accagcatcc gaggagatc aagggccgga aataaaggct gttgtaaaga 660
gaaaaaaaaa

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 3 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1845 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 3:

```

gggtgccgtca cgggacagag cagtcggtga caggacagag cagtcggtga cgggacacag 60
tggttggtga cgggacagag cggtcggtga cagcctcaag ggcttcagca ccgcgcccac 120
ggcagagcca gaccgactca gattcagact ctgagggagg agccgctggt ggagaagcag 180
acatggactt cctgcggaac ttattctccc agacgctcag cctgggcagc cagaaggagc 240
gtctgctgga cgagctgacc ttggaagggg tggcccggta catgcagagc gaacgctgtc 300
gcagagtcac ctgtttggtg ggagctggaa tctccacatc cgcaggcatc cccgactttc 360
gctctccatc caccggcctc tatgacaacc tagagaagta ccatcttccc taccagagg 420
ccatctttga gatcagctat ttcaagaaac atccggaacc cttcttcgcc ctgcgaagg 480
aactctatcc tgggcagttc aagccaacca tctgtcacta cttcatgcgc ctgctgaagg 540
acaaggggct actcctgcgc tgctacacgc agaacataga taccctggag cgaatagccg 600
ggctggaaca ggaggacttg gtggaggcgc acggcacctt ctacacatca cactgcgtca 660

```

```

ggccaagtgc cggcacgaat acccgctaag ctggatgaaa gagaagatct tctctgaggt 720
gacgcccagg tgtgaagact gtcagagcct ggtgaagcct gatatcgtct tttttggtga 780
gagcctccca gcgcgtttct tctcctgtat gcagtcagac ttcctgaagg tggacctcct 840
cctgggtcatg ggtacctcct tgcaggtgca gccctttgcc tccctcatca gcaaggcacc 900
cctctccacc cctcgccctgc tcatcaacaa ggagaaagct ggccagtcgg accctttcct 960
ggggatgatt atgggcctcg gaggaggcat ggactttgac tccaagaagg cctacagggal1020
cgtggcctgg ctgggtgaat gcgaccagg ctgcctggcc cttgctgagc tccttggtatg1080
gaagaaggag ctggaggacc ttgtccggag ggagcacgcc agcatagatg cccagtcggg1140
ggcgggggtc cccaacccca gcacttcagc ttcccccaag aagtccccgc caccctgcca1200
ggacgaggcc aggacaacag agagggagaa accccagtga cagctgcatc tcccaggcgg1260
gatgccgagc tctcagggga cagctgagcc ccaaccgggc ctggccccct cttaaccagc1320
agttcttgct tggggagctc agaacatccc ccaatctctt acagctccct ccccaaaact1380
gggggtccag caaccctggc cccaaccccc agcaaactct taacacctcc tagaggcca1440
ggcttaaaag ggcatctcta cagccccca tctctctaac cactctctgg ctagggagca1500
acctccctca tctctaactg cccccacggg gccagggcta ccccgagaact tttaactctt1560
ccaggacagg gagcttcggg cccccactct gtctctgccc cccggggggc tgtggctaag1620
taaaccatac ctaacctacc ccagtgtggg tgtgggcctc tgaatctaac ccacaccag1680
cgtaggggga gtctgagccg ggagggctcc cgagtctctg ccttcagctc ccaaagtggg1740
tggtgggccc ccttcacgtg ggacccactt ccatgctgg atgggcagaa gacattgctt1800
attggagaca aattaaaaac aaaaacaact aacaaaaaaa aaaaa

```

1845

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 4:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1499 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen EST's durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 4:

```

cggtctgagg gcgcgcggga gggtcaggtc gtttctgcgc gggctcccg cgtgctact 60
gctgctgctc ttcctcgggc cctggccgc tgcagccac ggcggcaagt actcgcggga 120
gaagaaccag cccaagccgt ccccgaaacg cgagtccgga gaggagttcc gcatggagaa 180
gttgaaccag ctgtgggaga aggccagcg actgcatctt cctcccgtga ggctggccga 240
gctccacgct gatctgaaga tacaggagag ggacgaactc gcctggaaga aactaaagct 300
tgacggcttg gacgaagatg gggagaagga agcgagactc atacgcaacc tcaatgtcat 360
cttggccaag tatggtctgg acggaaagaa ggacgctcgg caggtgacca gcaactccct 420

```

```

cagtggcacc caggaagacg ggctggatga ccccaggctg gaaaagctgt ggcacaaggc 480
gaagacctct gggaaattct ccggcgaaga actggacaag ctctggcggg agttcctgca 540
tcacaaagag aaagttcacg agtacaacgt cctgctggag accctgagca ggaccgaaga 600
aatccacgag aacgtcatta gcccctcgga cctgagcgac atcaagggca gcgtcctgca 660
cagcaggcac acggagctga aggagaagct gcgcagattc aaccagggcc tggaccgcct 720
gcgcagggtc agccaccagg gctacagcac tgaggctgag ttcgaggagc ccagggtgat 780
tgacctgtgg gacctggcgc agtccgcca aagcacttcg aagcacttcg aggcgttccg 840
ggaggagctc aagcacttcg aagccaaaat cgagaagcac aaccactacc agaagcagct 900
ggagattgcg cagcagaagc tgaggcacgc agagagcgtg ggcgacggcg agcgtgtgag 960
ccgcagccgc gagaagcac ccctgctgga gggcgaggac aaggagctgg gctacacggt1020
gaagaagcat ctgcaggacc tgtccggcag gatctccaga gctcggcaca acgaactctg1080
aaggcattgg ggagcccagc ccggcagggg agaggccagc gtgaaggacc tgggctctg1140
gccgtggcat ttccgtggac agcccgcctt cagggtggct ggggctggca cgggtgtcga1200
ggcagcaggg attctttctg gtgactgag ccgctgctg ggccttggcgg1260
ggcagcatt tgggtctgag atcggcccag ctctgactga aggggctggg cttccactca1320
ggcctcagcgt ggcagtcacc accccagtga ggacctcgat gtccagctgc tgtcaggtct1380
gatagtcctc tgctaaaaca acacgattta cataaaaaat cttacacatc tgccaccggal440
aataccatgc acagagtcct taaaaaatag agtgcagtat ttaaaccaaa aaaaaaaaaa 1499

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 5 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 688 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 5 :

```

gggccaagtg ccccgatcag gagctgccta taaatgccga gcctgcacag ctctggcaaa 60
cactctgtgg ggctcctcgg ctttgacaga gtgcaagacg atgacttgca aaatgtcgca 120
gctggaacgc aacatagaga ccatcatcaa caccttcac caatactctg tgaagctggg 180
gcacccagac accctgaacc agggggaatt caaagagctg gtgcgaaaag atctgcaaaa 240
ttttctcaag aaggagaata agaataaaaa ggtcatagaa cacatcatgg aggacctgga 300
caciaatgca gacaagcagc tgagcttcga ggagttcatc atgctgatgg cgaggctaac 360
ctgggcctcc cagcagaaga tgcacgaggg tgacgagggc cctggccacc accataagcc 420
aggcctcggg gagggcacc cctaagacca cagtggccaa gatcacagtg gccacggcca 480
cggccacagt catggtggcc acggccacag ccactaatca ggaggccagg ccacctgccc 540

```

```
tctaccaaac cagggccccc gggcctgtta tgtcaaactg tcttggtgtg ggggctaggg 600
gctggggcca aataaagtct cttcctccaa gtcagtgtct tgtgtgtctt ttccagctcc 660
tgttcaacac tgcctttcca ggggtgtg                                     688
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 6:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 909 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:6 :

```
tcgagccgca ttcgaccaga agtcggcgca cgcggcctcg gtccgggtga ctttgccggac 60
catggagggc ggcttcggct ccgatttcgg gggctccggc agcgggaagc tggaccagg 120
gctcataatg gagcaggtga aagtgcagat cgcgtggcc aacgcgcagg agctgctgca 180
gaggatgacg gacaagtgtt tccggaagtg tatagggaaa cctgggggct ccctggacaa 240
ctccgagcag aagtgcacg ccatgtgcat ggaccgctac atggacgctt ggaacaccgt 300
gtctcgcgcc tacaactcgc ggctgcagcg ggaacgagcc aacatgtgac cggcgagcgc 360
gggccacccc accctgttca ttccataaaa cgtgctttga gaggcggggg ccgcatgtac 420
gtactgcctg cccgggggctt aggaggggtg caccggtgct gggacacacg ggactgtgtc 480
ctcgccaccc cccgccctgc cccctgccag ccagtgcagc ttggatctcg ggggtgtggg 540
gccctgtgcc ttctgaagt gctggcagcc cagtggcacc tccttcaggc ctttggggta 600
ttcccctagt gtgcccaagt cagcctcata ttctgggcgg acagcttgct tggacttcgg 660
agttgggggt ggtcagacac cacaggagct gtcacctcct gcggatgggc aaataaattg 720
gtggaggacg gaaagaaacc tctttatttc cctcctgagg ggtctctctc tgggaagagg 780
tgacgcgtgt ccttgaacc ccagctcgga gggctctcag cccccctggg ttgggagaag 840
tccatcttcc ccttagtgc caccgggctg ctgagtcacg aggaatgtgt tgctgctgcc 900
accctgcc                                     909
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 7:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 930 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure

- (C) STRang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 7:

tgaggccaag	gcggcgtgag	tctgcgcagt	gtggggctga	gggaggccgg	acggcgcgcg	60
tgctgtctgg	cgtgcgttca	ctttcagcct	ggtgtggggc	ttgtaaacad	ataacataaa	120
aatggcttcc	aaaagagctc	tggtcatcct	ggctaaagga	gcagaggaaa	tggagacggt	180
catccctgta	gatgtcatga	ggcgagctgg	gattaaggtc	accgttgtag	gcctggctgg	240
aaaagaccca	gtacagtgtg	gccgtgatgt	ggtcatttgt	cctgatgcca	gccttgaaga	300
tgcaaaaaaa	gagggaccat	atgatgtggt	ggttctacca	ggaggtaatc	tgggcgcaca	360
gaatttatct	gagtctgctg	ctgtgaagga	gatactgaag	gagcaggaaa	accggaaggg	420
cctgatagcc	gccatctgtg	caggtcctac	tgctctgttg	gctcatgaaa	taggttttgg	480
aagtaaagtt	acaacacacc	ctcttgctaa	agacaaaatg	atgaatggag	gtcattacac	540
ctactctgag	aattctgtcg	aaaaagacgg	cctgattctt	acaagccggg	ggcctgggac	600
cagcttcgag	tttgcgcttg	caattgttga	agccctgaat	ggcaaggagg	tggcggctca	660
agtgaaggct	ccacttggtc	ttaaagacta	gagcagcgaa	ctgcgacgat	cacttagaga	720
aacaggccgt	taggaatcca	ttctcactgt	gttcgctcta	aacaaaacag	tggtaggtta	780
atgtgttcag	aagtcgctgt	ccttactact	tttgcggaag	tatggaagtc	acaactacac	840
agagatttct	cagcctacaa	attgtgtcta	tacatttcta	agccttggtt	gcagaataaa	900
cagggcattt	agcaaaactaa	aaaaaaaaaa				930

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 8:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 989 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 8:

```

cgcgcgggcg tcgtgcacgc ggttgtagct gcccggcggc ggcagaagcg gcgctcgcgc 60
caagggacgt gtttctgcga tcggtggttc atggagcggt agccggggtc tccgggacac 120
atccggacc acggccgcca ccgaaggctg cttctgctgc cgctactcgt ttccctgctg 180
ccggttgag ctgtgcaggg ctgggagaca gaggagaggc cccggactcg cgaagaggag 240
tgccacttct acgcgggttg acaagtgtac ccgggagagg catcccggt atcggctgcc 300
gaccactccc tgcacctaa caaagcgaag atttccaagc cagcgcccta ctgggaagga 360
acagctgtga tcgatggaga atttaaggag ctgaagttaa ctgattatcg tgggaaatac 420
ttggttttct tcttctaccc acttgatttc acatttgtgt gtccaactga aattatcgct 480
tttggcgaca gacttgaaga attcagatct ataaatactg aagtggtagc atgctctgtt 540
gattcacagt ttaccattt ggctggatt aataccctc gaagacaagg aggacttggg 600
ccaataagga ttccacttct ttcagatttg acccatcaga tctcaaagga ctatggtgta 660
tacctagagg actcaggcca cactcttaga ggtctcttca ttattgatga caaaggaatc 720
ctaagacaaa ttactctgaa tgatcttctt gtgggtagat cagtggatga gacactacgt 780
ttggttcaag cattccagta cactgacaaa cacggagaag tctgccctgc tggctggaaa 840
cctggtagt aaacaataat ccagatcca gctggaaagc tgaagtattt cgataaactg 900
aattgagaaa tacttcttca agttatgatg cttgaaagtt ctcaataaag ttcacggttt 960
cattaccaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO. 9:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2017 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 9:

```

aagcaacctc gtttatgtct tatcttttga ttttccctgta ttcagctatt ttcttaaagg 60
aaggcccagg tctgtattat cctactgcc aataggaagt aaaatgagta ctcacagcct 120
tgcgccta at cactgaacac agcttttagt aatgttttac acaagaacag gatattggca 180
actcaactgt taagcctttc tgtgattatt cttccttgag atcactctga tgtcaccagt 240
gtaatttgag cctggagctt ttgttcacac tttaaatagc agtcccagaa tgatttcact 300
acagactctc tggaaagcct gggagctgaa ttcgggaaga tccccacatc gatgaaagca 360
aagcgaagca ccaagccatc atcatgtcca cgctcgctacg agtcagccca tccatccatg 420
gctaccactt cgacacagcc tctcgtaaga aagccgtggg caacatcttt gaaaacacag 480
accaagaatc actagaaagg ctcttcagaa actctggaga caagaaagca gaggagagag 540
ccaagatcat ttttgccata gatcaagatg tggaggagaa aacgcgtgcc ctgatggcct 600
tgaagaagag gacaaaagac aagcttttcc agtttctgaa actgaggaaa tattccatca 660
aagttcactc aggttcagg gttgagattc taacagagcc agcattttgc tgctacctta caagcttctc 720
caagtgaagt tgtgagattc taacagagcc agcattttgc tgctacctta caagcttctc 780
ttctgtcagg actccagagg ctggaaaggg accgggactg gaaagggacc aggactgaac 840
agactggta caaagactcc aaacaatttc atgcctgtg ctgttacaga ggagaacaaa 900
atgctttcag caaggatttg aaaactcttc cgtccctgca ggaaaggatt gatgctgata 960
gaagagcctg gacagatgta atgagaacta aagaaaacag atggctggag atgacattta1020
tccagggtca ctttgtcagg ccctaggact taaatcgaag ttgaactttt tttttttttt1080
aaccaaatag ataggggagg ggaggaggga gaggaggagc agggagagaa aataccatgc1140
ataaattggt tactgaattt ttatatctga gtgttcaaaa tatttccaag cctgagtatt1200
gtctattggt atagattttt agaaatcaat aattgattat ttatttgcac ttattacaat1260
gcctgaaaaa gtgcaccaca tggatgttaa gttagaaattc aagaaagtaa gatgtcttca1320
gcaactcagt aaaaccttac gccacctttt ggtttgtaaa aggtttttta tacatttcaal380
acaggttgca caaaagttaa aataatgggg tcttttataa atccaaagta ctgtgaaaac1440
attttacata ttttttaaat ctctgacta atgctaaaac gtaatctaata taaatttcat1500
acagttactg cagtaagcat taggaagtga atatgatata caaaatagtt tataaagact1560
ctatagtttc tataatttat tttactggca aatgtcatgc aacaataata aattattgtal620
aactttgtgg cttttgtgct gtgatgcttg gtctcaaagg aaaaaataag atggtaaatg1680
ttgatattta caaacttttc taaagatgtg tctctaacia taaaagttaa ttttagagtal740
gttttatat aattaccata ctttttcaaa acaaatcttt acgtcaataa tctgggaagt1800
ttctctgtcc caatcttaaa atataaaata tagatataga agttcataga ttgactcctt1860
ggcatttcta tttatgtatc cattaaggat gagtttttaa aggccttctc ttcatacttt1920
tgaaaaattt cttctatgat tacagtagct atgtacatgt gtacatctat ttttcccaag1980
caatatgttt tgggtttaga gtctgagtga tgaccaa

```

2017

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 11:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1365 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 11:

```

ggggcaggct gagacagcgc ccagaacctc ggagcaaggc gttggcagat ctgaagacag 60
catgtacaca gccattcccc agagtggctc tccattccca ggctcagtgc aggatccagg 120
cctgcatgtg tggcgggtgg agaagctgaa gccgggtgct gtggcgcaag agaaccaggg 180
cgtcttcttc tcgggggact cctacactagt gccatccaat gggccagcag aggttcccca 240
cttgacacctg tggataggcc agcagtcata ccgggatgag cgggggctc gtgccgtgct 300
ggctgtgcac ctcaacacgc tgctgggaga gcggcctgtg cagcaccgcg aggtgagggc 360
aatgagtctg acctcttcat gagctacttc ccacggggcc tcaagtacca ggaaggtggt 420
gtggagtcag catttcacaa gacctccaca ggagccccag ctgccatcaa gaaactctac 480
caggtgaagg ggaagaagaa catccgtgcc accgagcggg cactgaactg ggacagcttc 540
aacactgggg actgcttcat cctggacctg ggccagaaca tcttcgcctg gtgtggtgga 600
aagtccaaca tcctggaacg caacaaggcg agggacctgg ccctggccat ccgggacagt 660
gagcgacagg gcaaggccca ggtggagatt gtcactgatg gggaggagcc tgctgagatg 720
atccagggtcc tgggccccaa gcctgctctg aaggagggca accctgagga agacctcaca 780
gctgacaagg caaatgccc aagccgcagct ctgtataagg tctctgatgc cactggacag 840
atgaacctga ccaaggtggc tgactccagc ccatttgccc ttgaactgct gatatctgat 900
gactgctttg tgctggacaa cgggctctgt ggcaagatct atatctggaa ggggcgaaaa 960
gcgaatgaga aggagcggca ggcagccctg caggtggccg agggcttcat ctgcgcgatg 1020
cagtacgccc cgaacactca ggtggagatt ctgcctcagg gccgtgagag tcccatcttc 1080
aagcaatttt tcaaggactg gaaatgaggg tgggcgtctt cctgccccat gctccccctg 1140
ccccaccac ctgcctgctt gcttctctgg ctgcctggtc agtgacagag tgccccctgc 1200
agatgttcaa taaaggagac aagtgtcttc ccagctcttt tcctgcaaaa cctgccctgg 1260
gctgattctc actgtcaccg acctattcac ctgggttcat ccccatgctg ggggtggag 1320
agcacacaga tgacaattgg acagccttgg aggggccaga gctgc 1365

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 12:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1597 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 12:

```

accaatggcc aggccatcgc tgaaagatgc cggcgtcgcc actctggcct ggatgggtgat 60
aatgggtgat ggcctgcaca atttcagcga tggcctagca attgggtgctg cttttactga 120
aggcttatca agtggtttaa gtacttctgt tgcctgtgtc tgcctcatga tgcctcatga 180
attaggtgac tttgctgttc tactaaagge tggcatgacc gtttaagcagg ctgtccttta 240
taatgcattg tcagccatgc tggcgtatct tgggaatggca acaggaattt tcattgggtca 300
ttatgctgaa aatgtttcta tgtggatatt tgcacttact gctggcttat tcattgtatgt 360
tgctctgggt gatatgggtac ctgaaatcct ccacaatgat gcttctgacc atccatgtag 420
ccctgctggt tatttctttt tacagaatgc tgggatgctt ttgggttttg gattatgtt 480
acttatctcc atatttgaac ataaaatcgt gtttcgtata aatttctagt taagggttaa 540
atgctagagt agcttaaaaa gttgtcatag tttcagtagg tcatagggag atgagtttgt 600
atgctgtact atgcagcgtt taaagttagt gggttttgtg atttttgtat tgaatattgc 660
tgtctgttac aaagtcagtt aaaggtacgt tttaatattt aagttattct atcttgaga 720
taaaatctgt atgtgcaatt caccggtatt accagtttat tatgtaaaca agagatttgg 780
catgacatgt tctgtatgtt tcagggaaaa atgtctttaa tgctttttca agaactaaca 840
cagttattcc tatactggat tttaggtctc tgaagaactg ctggtgttta ggaataagaa 900
tgtgcatgaa gcctaaaata ccaagaaagc ttatactgaa tttaagcaaa gaaataaagg 960
agaaaagaga agaatctgag aattggggag gcatagattc ttataaaaat cacaaaattt1020
gttgtaaatt agaggggaga aatttagaat taagtataaa aaggcagaat tagtatagag1080
tacattcatt aaacattttt gtcaggatta tttcccgtaa aaacgtagtg aggcactttt1140
catatactaa tttagttgta catttaactt tgtataatac agaaatctaa atatatttaa1200
tgaattcaag caatatatca cttgaccaag aaattggaat ttcaaaatgt tcgtgcgggt1260
atataccaga tgagtacagt gagtagtttt atgtatcacc agactgggtt attgccaagt1320
tatatatcac caaaagctgt atgactggat gttctggtta cctggtttac aaaattatca1380
gagtagtaaa actttgatat atatgaggat attaaaacta cactaagtat catttgattc1440
gattcagaaa gtactttgat atctctcagt gcttcagtgc ttcattgtg agcaattgtc1500
ttttatatac ggtactgtag ccatactagg cctgtctgtg gcattctcta gatgtttctt1560
ttttacacaa taaattcctt atatcagctt gaaaaaa

```

1597

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 13:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1780 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 13:

```

cgggcgcggc cggacggtag ttccccggag aaggatcctg cagcccgagt cccgaggata 60
aagcttgggg ttcatcctcc ttccctggag cccgagtccc gtccctcaggc ttccccaatc 120
caggggactc ggcgcgggga cgctgctatg gacgacattt tcactcagtg ccgggagggc 180
aacgcagtcg ccgttcgcct gtggctggac aacacggaga acgacctcaa ccagggggac 240
gatcatggct tctccccctt gcactgggcc tgccgagagg gccgctctgc tgtggttgag 300
atgttgatca tgcggggggc acggatcaat gtaatgaacc gtggggatga cccccctg 360
catctggcag ccagtcatgg acaccgtgat attgtacaga agctattgca gtacaggag 420
gacatcaatg cagtgaatga acacgggaa atgtgctgc actatgcctg tttttggggc 480
caagatcaag tggcagagga cctggtggca aatggggccc ttgtcagcat ctgtaacaag 540
tatggagaga tgcctgtgga caaagccaag gcacccctga gagagcttct ccgagagcgg 600
gcagagaaga tgggccagaa tctcaaccgt attccataca aggacacatt ctggaagggg 660
accaccgcga ctgcggcccc aaatggaacc ctgaacaaac actctggcat tgacttcaaa 720
cagcttaact tcttgacgaa gctcaacgag aatcactctg gagagctatg gaaggggcgc 780
tggcagggca atgacattgt cgtgaagggt ctgaagggtc gagactggag tacaaggaag 840
agcagggact tcaatgaaga gtgtccccgg ctccaggattt tctcgcattc aaatgtgctc 900
ccagtgtatg gtgcctgcca gtctccacct gctctctatc ctactctcat cacacactgg 960
atgccgtatg gatccctcta caatgtacta catgaaggca ccaatttcgt cgtggaccag 1020
agccaggctg tgaagtttgc tttggacatg gcaaggggca tggccttctc acacacacta 1080
gagccccctc tcccacgaca tgcaactcaat agccgtagtg taatgattga tgaggacatg 1140
actgcccga ttagcatggc tgatgtcaag ttctctttcc aatgtcctgg tcgcatgtat 1200
gcacctgcct gggtagcccc cgaagctctg cagaagaagc ctgaagacac aaacagacgc 1260
tcagcagaca tgtggagttt tgcagtgcct ctgtgggaac tggtgacacg ggaggtaccc 1320
tttgctgacc tctccaatat ggagattgga atgaagggtg cattggaagg ccttgggcta 1380
ccatcccacc aggtatttcc cctcatgtgt gtaagctcat gaagatctgc atgaatgaag 1440
acctgcaaa ggcgcccaca tttgacatga ttgtgcctat ccttgagaag atgcaggaca 1500
agtaggactg gaaggtcctt gcctgaactc cagaggtgtc gggacatggt tgggggaatg 1560
cacctcccc aagcagcagg cctctggttg cctccccgc ctccagtcac ggtactaccc 1620
cagccatggg gtccatcccc ttccccatc cctaccactg tggccccaag agggcgggc 1680
tcagagcttt gtcacttgcc acatggtgtc tccaacatg ggagggatca gccccgcctg 1740
tcacaataaa gtttattatg aaaacaaaaa aaagggtgtg

```

1780

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 14:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 892 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 14:

```

aacgactcct ggtaccttgc tcccattact tcccgttttc tcgatctgct gtcggtctca 60
ggctcgtagt tcgccttcaa catgccggaa ccagcgaagt ccgctcccgc gcccaagaag 120
ggctcgaaga aagccgtgac taaggcgagc aagaaggacg gcaagaagcg caaggcagcc 180
gcaaggagag ctactccgta tacgtgtaca aggtgcgaa gcaagcagac cccgacaccg 240
gcatctcctc taaggccatg ggaatcatga actccttcgt caacguratc ttggaacgca 300
tcgcgggtga ggcttcccgc ctggcgcatc acaacaagcg ctcgaccatc acctccaggg 360
agatccagac ggccgtgcgc ctgctgctgc ccggggagtt ggccaagcac gccgtgtccg 420
agggcaccaa ggccgtcacc aagtacacca gcgctaagta aacttgccaa ggagggactt 480
tctctggaat ttcctgatat gaccaagaaa gcttcttata aaaagaagca caattgcctt 540
cggttacctc attatctact gcagaaaaga agacgagaat gcaaccatac ctagatggac 600
ttttccacaa gctaaagctg gcctcttgat ctcttcaga ttccaaagag aatcatttac 660
aagttaattt ctgtctcctt ggtccattcc ttctctctaa taatcattta ctgttcctca 720
aagaattgtc tacattaccc atctcctctt ttgcctctga gaaagagtat ataagcttct 780
gtaaccctact ggggggttgg ggtaatatc tgtggtcctc agccctgtac cttataaat 840
ttgtatgcct tttctcttaa aaaaaaaaaa gagggaagaa ggaagaggat gc 892

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 15:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 992 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 15:

```

ctctcgcgag gattggctgt tagcggcggt gtagttaagc tcgtgtaacg gcggcggtgt 60
cggcagctgc tgtaagcgaag agagtttggc gcgatgtctc acaccatttt gctggtacag 120

```

```

cctaccaaga ggccagaagg cagaacttat gctgactacg aatctgtgaa tgaatgcatg 180
gaagggtgtt gtaaaatgta tgaagaacat ctgaaaagaa tgaatcccaa cagtcctctt 240
atcacatatg acatcagtcg gttgtttgat ttcacatgat atctggcaga cctcagctgc 300
ctggtttacc gagctgatac ccagacatac cagccttata acaaagactg gattaaagag 360
aagatctacg tgctccttcg tcggcaggcc caacaggctg ggaaataatt gtgttggaag 420
cactgggggg gttgggggtg gcttggaaca cagggtgtga cagcgtgctg tagtggaagt 480
tttgtatcat agtaatcctg tttccacttt gttatactct agccaagatt gactgtatta 540
gatgaaatgt gaggatcttg ttcaatcgga aacccccgtt acctcctctt tttctttctc 600
tttctttttt tttttttact taaacatttt tatgatgatt tagatggaag ttgttcttcg 660
tcacttaatg ttggttccag tccttcaact gttcatatct actttataac attcacatac 720
taacccttct tcaagatggg gtgggggggtg gaaatgcagt ttagccatgt cctcaagata 780
aagtcttggt aaaaataaat aaatgtcctt tagttataaa aaaaaaaaaa aaaattgaag 840
gactggaacc aacattaagt gacgaagaac aactgtggtg tgtgggaaag gctttggacc 900
tagaccaacc tgnattgaa tctaatcttc tcacttaagg gaagtctcat tctctctcag 960
ttcccacatc tatcagtggg gataagccat ag

```

992

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 16:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1196 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 16:

```

gggcgccccg aaggtcagcg tgtgaagtag gcgctggcaa cgcgggggta cccgctgtta 60
ttgaggagta acggcccagc ggaccaccca ggcttgaggc agcggcgagg accactcggt 120
ttgctgcgat accatggaag gaggcggggg aagcggcaac aaaaccacag ggggattggc 180
cggttttttc ggagccggcg gagcaggtta ctcgcacgcg gatttggtcg gcgtcccgt 240
aactggtatg aaccctctgt ctcttatttt aaatgtggat ccacgatacc tcgtgcagga 300
tacagatgag tttattttac ctaccggagc taataaaacc cggggcagat ttgagctggc 360
cttcttttac attggaggat gttgcatgac aggggctgcg tttggtgcaa tgaatggtct 420
tcggctagga ttgaaggaaa ccagaaacat ggcttggtcc aaaccaagaa atgtacagat 480
tttgaatatg gtgactaggc aaggggcact ttgggctaact actctagggt ctctggcttt 540
gctctatagt gcatttggtg tcatcattga gaaaacacga ggtgcagaag atgaccttaa 600
cacagtagca gctggaacca tgacaggcat gttgtataaa tgtacagggt gtcttcgagg 660

```

```

gatagcacga ggtggtctga caggactaac acttaccagc ctctatgcac tatataataa 720
ctggggagcac atgaaaggct ccttgctcca acagtcactc tgaagatttt gccaaactcat 780
gaatggagga cacttcagta gtcattctaga tccttttata agacagtttg gagttattct 840
ctctcttcta ctacaatta gtttgaaaaa ttggagattt tgatttgctg tgatgaaaat 900
cctggatggc tgaccaagac tggcacttgt tccagccatt agtgagttga agccaaagcc 960
ctttggtgac tcaactgagta ccatggttct gttctcctct ggagatcttg cacgtatctg1020
ttttcctccc ccatgaacta gaaaaccact tactcccaga attcaggctg tgcttgtag1080
tactatatca ccaagtccat tcatttaatg atccaaaact gtaatgttgc actgtattcc1140
aaataaaggg taaaaacaga accaaagtta taactccaac acacaaaaaa aaaaaa 1196

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 17:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1105 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 17:

```

ggcttaggcc cagccccctg cctccccctc cttccccccag gtataagagc tgagctcagg 60
tgagctggct cctcctgtct tgtctcagcg gctgccaaaca gatcatgagc catcagctcc 120
tctggggcca gctataggac aacagaactc tcaccaaagg accagacaca gtgagcacca 180
tgggacagtg tcggtcagcc aacgcagagg atgctcagga attcagtgat gtggagaggg 240
ccattgagac cctcatcaag aactttcacc agtactccgt ggaggggtggg aaggagacgc 300
tgacccttc tgagctacgg gacctggtca cccagcagct gccccatctc atgccgagca 360
actgtggcct ggaagagaaa attgccaacc tgggcagctg caatgactct aaactggagt 420
tcaggagttt ctgggagctg attggagaag cggccaagag tgtgaagctg gagaggcctg 480
tccgggggca ctgagaactc cctctggaat tcttgggggg tgttggggag agactgtggg 540
cctggagata aaacttgtct cctctaccac caccctgtac cctagcctgc acctgtcctc 600
atctctgcaa agttcagctt cttccccag gtctctgtgc actctgtctt ggaatgctctg 660
gggagctcat ggggtggagga gtctccacca gagggaggct caggggactg gttggggccag 720
ggatgaatat ttgagggata aaaattgtgt aagagccaaa gaattggtag tagggggaga 780
acagagagga gctgggctat gggaaatgat ttgaataatg gagctgggaa tatggctgga 840
tatctggtac taaaaaaggg tctttaagaa cctacttcct aatctcttcc ccaatccaaa 900
ccatagctgt ctgtccagtg ctctcttcct gcctccagct ctgccccagg ctctccttag 960
actctgtccc tgggctaggg caggggagga gggagagcag ggttggggga gaggctgagg1020

```


agagtgtgac atgtggggag aggaccagct ggggtgcttg gcattgacag aatgatggtt1080
gttttgatc atttgattaa taaaa 1105

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 18:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2006 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 18:

tgcgagccga	ggcgccgagc	aagatggcgg	cgcgagtgtc	gcgcgcccgc	ggaggcgctg	60
ggcggcgccg	ctcctgcagc	ggcgggcccc	ctgcagcctc	ctgcccaggc	tccggacatg	120
gacatcttcc	agcaacagat	ctcgagaaga	cagctggcta	aaatccttat	ttgtccggaa	180
agttgatcca	agaaaagatg	cccactccaa	tctcctagcc	aaaaaggaaa	caagcaatct	240
atacaaatta	cagtttcaca	atgttaaacc	ggaatgccta	gaagcataca	acaaaatttg	300
tcaagaggtg	ttgccaaaga	ttcacgaaga	taaacactac	ccttgtaact	tgggtggggac	360
ttggaacacg	tggatatggc	agcaggacca	agctgtccac	ctctggagg	atgaaggagg	420
ctatccagcc	ctcacagaag	tcatgaataa	actcagagaa	aataaggaat	ttttggaatt	480
tcgtaaggca	agaagtgaca	tgtttctctc	caggaagaat	cagctcctgt	tggagtccag	540
tttctggaat	gagcctgtgc	caagatccgg	acctaataa	tatgaactca	ggtcttacc	600
actccgacca	ggaaccatga	ttgaatgggg	caattactgg	gctcgtgcaa	tccgcttcag	660
acaggatgg	aacgaagccg	tccgaggatt	cttctctcag	attgggcagc	tgtacatggt	720
gcaccatctt	tgggcttaca	gggatcttca	gaccagggaa	gacatacgga	atgcagcatg	780
gcacaaacat	ggctgggagg	aattggtata	ttacacagtt	ccacttattc	aggaaatgga	840
atccagaatc	atgatcccac	tgaagacctc	gcccctccag	taaagctgta	gagtttctat	900
gtgcctacat	acatttctgt	gacaagtatt	tgtcgtaaat	taattttaat	tgtgtatcaa	960
gtgaaaaaga	aacactgagg	ttttaagctg	ctgtatatag	cttgtgagaa	acctcttttc	1020
tttaaaattt	acataatcac	aagaaaggaa	agaattacag	ttggactgat	tgtgacagt	1080
ccttgctcgt	ctctttgaaa	caccccggtg	tgtccagtat	accttataac	acttagccac	1140
ttctccccac	cctccagaag	gggtccacgt	tgaattctga	atcatcttga	aaataagatt	1200
ccaaccacaa	aaaaaattta	gccatttctt	tactaaaaaa	aaccaaaaaa	caaactgtgt	1260
ttataatcac	agatttttag	acaaatttct	tgtatcagga	agaaatacaa	attttgtcat	1320
gtttctcaag	cagtttttct	gagtagtttc	tgaggaggaa	caaattacaa	gtgtacccaa	1380
taactgaaaa	tgttttaact	cactctcatt	tgtgaagcag	ccacatagta	gacaatgggt	1440

```

tttccaagct gggcaaggta catttaatca gtaaatacagt ttcacatcat gtattgtgat1500
gtttcaatgt gagacacaaa aacaatggct tgaaacttgt gtatcatatg tgattttgaal560
atgaacacct tgaatagcac taatttttat ttgtggtatt tttctataac aaaacaagta1620
gctctaggaa aagaggtttt attttgtaaa cgatcatttg tgacctcaga cactctctgg1680
ctaataatatt aataagctca cagcagataa ttctgagatc atgggtgagg ggtggtgcat1740
gttgagattt aaattggcat aaagctgcat actttttgtc tagctgtttg atttcatttt1800
ttaatatagt atgccaattt tgtgactgtt accatgtgaa agtcctgttg aaatgaacaal860
ttgtctgccc cacaatcaag aatgtatgtg taaagtgtga ataaatctca tatcaaatgt1920
caaactttta catgtgaatg attttctcaa agaacataga aaagtcaata aaatcctctt1980
aatttcaca aaaaaaaaaa aaaaac

```

2006

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 19:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 834 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 19:

```

ccggaaccag aactggaatc cgcccttacc gcttgctgcc aaaacagtgg gggctgaact 60
gacctctccc ctttgggaga gaaaaactgt ctgggagctt gacaaaggca tgcaggagag 120
aacaggagca gccacagcca ggaggagag ccttcccca gcaaacaatc cagagcagct 180
gtgcaaaca cggtgcataa atgaggcctc ctggaccatg aagcgagtcc tgagctgcgt 240
cccggagccc acggtggtca tggctgccag agcgctctgc atgctggggc tggtcctggc 300
cttgctgtcc tccagctctg ctgaggagta cgtgggcctg tctgcaaacc agtgtgccgt 360
gccagccaag gacagggtgg actgcggcta ccccatgtc accccaagg agtgcaaca 420
ccggggctgc tgctttgact ccaggatccc tggagtgcct tgggtgttca agccccctgca 480
ggaagcagaa tgcaccttct gaggcacctc cagctgcccc cggccggggg atgcgaggct 540
cggagcaccc ttgcccggct gtgattgctg ccaggcactg ttcattctag cttttctgtc 600
cctttgctcc cggcaagcgc ttctgctgaa agttcatatc tggagcctga tgtcttaacg 660
aataaaggct ccatgtctca cccgaggaca gttcttcgtg cctgagactt tctgagggtg 720
tgctttatct ctgctgcgtc gtggacagcg ggagggtgtc aggggagagt ctgcccaggc 780
ctcaagggca ggaaaagact ccctaaggag ctgcagtgca tgcaaggata tttt 834

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 20:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 765 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:20 :

```

cgggaaacggg gcggaacgcgg ctgcgccggc gcgtcgaggg gagaggcagc agccgcgatg 60
gacgtgttcc tcgatgccg gcgccacaag accaccatct tcacggacgc caaggagtcc 120
agcacgggtgt tcgaactgaa gcgcacgtc gagggcatcc tcaagcggcc tcctgacgag 180
cagcggctgt acaaggatga ccaactcttg gatgatgca agacactgg cgagtgtggc 240
ttcactagtc aaacagcacg gccacaggcc ccagccacag tggggctggc cttccgggca 300
gatgacacct ttgaggccct gtgcacgcag ccgttttcca gcccgccaga gctgcccgat 360
gtgatgaagc cccaggactc gggaagcagt gccaatgaac aagccgtgca gtgagacccc 420
caagaggccc atttccccc ataaaagaga tttgggagtc tgacaaaatg ctgcctcttt 480
ttcccggccc tccttgggat ggggtccact ccctgtgggc tccttttggg gcttgtgttt 540
ggcagttcct gtgctgtcct gtctcccaga tcctgagacc ctggctgaga acttggtccc 600
gcctgctgct taaaggcacc atggggacct ggggtgccct cagacccaag ccattgttag 660
cagctagcca gccacaccaa ccacgccagg gggaggaaag ggaaggaatg ggagagacac 720
aaagaccaga gccaacctca gggacaagag attccagtgt ggcct 765

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 21:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 779 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 21:

```
gcggggagtc caggttccgc cccggagccg acttcctcct ggtcggcgcc tgcagcgggg 60
tggagggcgg caggcggcgg ggcggcggc gccatggggc gcgcgcgcga cgccatcctg 120
gatgcgctgg agaacctgac cgccgaggag ctcaagaagt tcaagctgaa gctgctgtcg 180
gtgccgctgc gcgagggcta cgggcgcata ccgcggggcg cgctgctgtc catggacgcc 240
ttggacctca ccgacaagct ggtcagcttc tacctggaga cctacggcgc cgagctcacc 300
gctaacgtgc tgcgcgacat gggcctgcag gagatggccg ggcagctgca ggcggccacg 360
caccagggct ctggagccgc gccagctggg atccaggccc ctctcagtc ggcagccaag 420
ccaggcctgc actttataga ccagcaccgg gctgcgctta tcgcgagggc cacaacggtt 480
gagtggctgc tggatgctct gtacgggaag gtcctgacgg atgagcagta ccaggcagtg 540
cgggccgagc ccaccaaccc aagcaagatg cggaagctct tcagtttcac accagcctgg 600
aactggacct gcaaggactt gctcctccag gccctaaggg agtcccagtc ctacctgggtg 660
gaggacctgg agcggagctg aggtccttc ccagcaacac tccggtcagc ccctggcaat 720
ccaccaaatt catcctgaat ctgatctttt tatacacaat atacgaaaag ccagcttga 779
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 22:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2327 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 22:

```

cccacgcgtc cgagacatta ataagcttga agagcagaat ccagatattg tttcagaaaa 60
aaaaccagca actgaagtgg accccacaca ttttgaaaag cgcttcctaa agaggatccg 120
tgacttggga gagggccact ttgggaaggt tgagctctgc aggtatgacc ccgaaggagac 180
caatacaggg gagcaggtgg ctgttaaatac tctgaagcct gagagtggag gtaaccacat 240
agctgatctg aaaaaggaaa tcgagatctt aaggaacctc tatcatgaga acattgtgaa 300
gtacaaagga atctgcacag aagacggagg aaatggtatt aagctcatca tggaatttct 360
gccttcggga agccttaagg aatatcttcc aaagaataag aacaaaataa acctcaaaca 420
gcagctaaaa tatgccgttc agatttgtaa ggggatggac tatttgggtt ctcggcaata 480
cggtcaccgg gacttggcag caagaaatgt ccttggtgag agtgaacacc aagtgaatat 540
tgagacttcc gggttaacca aagcaattga aaccgataag gagtattaca ccgtcaagga 600
tgaccgggac agccctgtgt tttggtatgc tccagaatgt ttaatgcaat ctaaatttta 660
tattgcctct gacgtctgtt cttttggagt cactctgcat gagctgctga cttactgtga 720
ttcagattct agtcccatgg ctttgttctt gaaaatgata ggcccaaccc atggccagat 780
gacactcaca agacttgtta atactgttaa aagagcaaaa ggaatgctga ggaatgctga 840
ctgttggaat gaggtttatc aacttatgag gaaatgctgg gaattccaac caatccaatcg 900
gacaagcttt cagaacctta ttgaaggatt tgaagcactt taaaataaag aagcatgaat 960
aacatttaaa ttccacagat tatcaagtc tctcctgca acaaatgccc aagtcatttt 1020
ttaaaaattt ctaatgaaag aagtttgtgt tctgtccaaa aagtcactga actcactatt 1080
cagtacatat acatgtataa ggcacactgt agtgcttaat atgtgtaagg acttcctctt 1140
taaatttggg accagtaact tagtgacaca taatgacaac caaatatatt gaaagcactt 1200
aagcactcct ccttgtggaa agaataatac accatttcat ctggctagtt caccatcacat 1260
actgcattac caaaagggga tttttgaaaa cgaggagtgg accaaaataa tatctgaaga 1320
tgattgcttt tccctgctgc cagctgatct gaaatgtttt gctggcacat taatcataga 1380
taaagaaaga ttgatggact tagccctcaa atttcagtat ctatacagta ctagaccatg 1440
cattcttaaa atattagata ccaggtagta tatattgttt ctgtacaaaa atgactgtat 1500
tctctcacca gtaggactta aactttgttt ctccagtggc ttagctcctg ttccttggg 1560
tgatcactag caccattttt tgagaaagct ggttctacat ggggggatag ctgtggaata 1620
gataatttgc tgcatgttaa ttaattctca agaactaagc ctgtgccagt gctttcctaa 1680
gcagtatacc tttaatcaga actcattccc agaacctgga tgctattaca catgctttta 1740
agaaacgtca atgtatatcc ttttataact ctaccacttt ggggcaagct attccagcac 1800
tggttttgaa tgctgtatgc aaccagtctg aataccacat acgctgcact gttcttagag 1860
gggttccata cttaccacgg atctacaagg gttgatccct gattttacca tcaatcaca 1920
cctgtgggtg caacacttga aagaccgggc tagaggcact atggacttca ggatccacta 1980
gacagttttc agtttgcttg gaggtagctg ggtaatcaaa aatgtttagt cattgattca 2040
atgtgaacga ttacggtctt tatgaccaag agtctgaaaa tctttttgtt atgctgttta 2100
gtattcgttt gatattgtta cttttcacct gttgagccca aattcaggat tggttcagtg 2160
gcagcaatga agttgccatt taaatttgtt catagcctac atcaccaagg tctctgtgtc 2220
aaacctgtgg ccactctata tgcactttgt ttactcttta tacaataaaa tatactaaag 2280
actttaaaag agaagagaaa aaagaaaaga aaaaaaaaag ggggaag 2327

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 23:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 911 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:23 :

```

ccgggattgg ctgcgggcct cgcgaccctc ctgcttccct ccccgccccg cgcgcctctt 60
ctggttgggt cgcgcgcagg aggtcgcagg cctctttgtc agctggagtc gcgcgggcct 120
acgcgccact atgtagcggg tcccgggcgg gccacgcgtg cgggacagga acccaacccc 180
agccgacctt gagctccagg agttcgtctc ttacgtctgc ggaagtgcag ctgcctcagt 240
tcttagcgca ggttgacaac tacaggcaca agccattgaa gctggaatgt cctgttgctg 300
gtatttcaat tgacttaagc caactatccc ttcagttaca ataggaaagt gcctctaata 360
aggccaaata tgcgtactaa cttgtagcaa ccacgtgtcc gtgcagtgcc acaggagcta 420
gagcagtgc aatgctggtg gcaacagggc agtgtagcag gtgcttcagt ttcacctttt 480
caaccttttc atttaattgt cacaactcgg aggtggattc tgtagggac aggtgcccc 540
aggaccactc cgcccccgct aactcaatgc agctgaccct taccctgaat actctgcagc 600
tgcattcctg aaccggtatc taggcgctat agcaaggcca ccagacttgc tacaccgaag 660
ccctctgggt ggcacggggg aggtcatgag aaacgtggat tacacccccct tgtaaattcc 720
tattttcaca agataatata ttgtaagccg gtcattgagat tatatgtggt aaagttaatt 780
gactaacaac cccaggggtc ctctcccccataaaacccc tcattttgta agctcagggc 840
tgccacctcc gactggtgga gaagcctggc aggttaataa acttacttgg cctgaaaagg 900
gaaaagcaag a

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 24:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 595 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:24 :

```

cccacgcgtc cggccaggat actgcgagta tggcggcgctc aaaggtgaag caggacatgc 60
ctccgccggg gggctatggg cccatcgact acaaacggaa cttgccgcgt cgaggactgt 120
cgggctacag catgctggcc atagggattg gaaccctgat ctacgggcac tggagcataa 180
tgaagtggaa ccgtgagcgc aggcgcctac aaatcgagga cttcgaggct cgcacgcgc 240
tgttgccact gttacaggca gaaaccgacc ggaggacctt gcagatgctt cgggagaacc 300
tggaggagga ggccatcatc atgaaggacg tgcccgactg gaaggtgggg gagtctgtgt 360
tccacacaac ccgtgggtg cccccctga tcggggagct gtacgggctg cgcaccacag 420
aggaggctct ccatgccagc cacggcttca tgtgttacac gtaggccctg tgccctccgg 480
ccacctggat ccctgcccct cccactggg acggaataaa tgctctgcag acctggaaaa 540
aagaaaggag gacaagaaaa aacgggggtc agaagggaga gagtgggccc ccgta 595

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 25:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 886 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 25:

```

ctcagtatta agcaacagaa aatgagactc atcgtagact cagcatagac ccatcacaga 60
cctgtcagag gccgattgta agctcgctgt agacccatga tagcagaccc gtagtcacta 120
gcactggatc aaatgcaagc ttataaagca ttggacacct caagtctagt cggcgagcag 180
gtcacaagct acctaactaa gaagtttgct gaactacgca gcccgaatga gttcaagggtg 240
tacatgggcc acggtgggaa gccctgggtc tccgacttca gtcaccctca ttacctggt 300
gggagaagag ccatgaagac agtttttggt gttgagccag acttgaccag ggaaggcggc 360
agtattccc tgaccttgac ctttcaggag gccacgggca agaacgtcat gctgctgcct 420
gtgggggtcag cggatgacgg agcccactcc cagaatgaaa agctcaacag gtataactac 480
atagaggggaa ccaagatgct ggccgcgtac ctgtatgagg tctcccagct gaaggactag 540
gccaagccct ctgtgtgcca tctccaatga gaaggaatcc tgccctcacc tcaccctttt 600
ccaacttgcc cagggaaagt gaggttcctt ctttcctttt cctcttgta ggtcatccat 660
gacttttagag aacagacaca agtgtatcca gctgtccacg ggtggagcta cccgttgggc 720
ttatgagtga cctggagtga cagctgagtc accctgggta agttctcaga gtggtcagga 780
tggcttgacc tgcagaagat acccaaggtc caaaagcaca aggtctgcgg aaagtctgg 840
ttgtcggctg ggcaccacgg ctcacaccta taatcgagca tttggg 886

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 27:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2273 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 27:

```

ttaaaaaaaa aaccgcctgg tcttggggtc cattaaaccc atggaacttc actatcccca 60
gttagccgctc ccagcgggtt aagtggacct ccaagtgtat ggctttatgg tttatggccg 120
gggttcaggcc cttaaataaag tgtaattatg tattacccgc aggggtgttt taactgtgac 160
tattgtatata aaacaaatct tgatatccag aagcacatga agtttgcaac tttccaccct 240
gcccattttt gtaaaactgc agtcaccttg ttatactgtg gtatgttttt gattacagca 360
ccaagctgtg ataagtggaa tggttactgt gaccttttaa aacacaaatt ttaaactcaa 300
gataatgctt tcttttccag tcgtctttga gaataaaggga aaaaaaatct tcagatgcaa 420
tggttttgtg tagcatcttg tctatcatgt tttgtaaata ctggagaagc tttgaccaat 480
ttgacttaga gatggaatgt aactttgctt acaaaaattg ctattaaact cctgcttaag 540
gtgttctaata tttctgtgag cactactaaa gcgaaaaata aatgtgaata aaatgtacaa 600
atgtgtgtg tttttttatg ttctaataat actgagactt ctaggtctta ggtaattttt 660
taggaagatc ttgcatgcca tcaggagtaa attttattgt gggtcttaat ctgaagtttt 720
caagctctga aattcataat ccgcagtgtc agattacgta gaggaagatc ttacaacatt 780
ccatgtcaaa tctgttacca tttattggca tttagttttc atttaagaat tgaacataat 840
tatttttatt gtagctatat agcatgtcag attaaatcat ttacaacaaa aggggtgtga 900
acctaagact atttaaagt cttatgagaa aatttcataa agccattctc ttgtcattca 960
gggccagaaa caaattttta actgagtgtg agtctataga atccatactg cagatgggtc 1020
atgaaatgtg accaaatgtg tttcaaaaat tgatgggtga ttacctgcta ttgtaattgc 1080
ttagtgcttg gctaatttcc aaattattgc ataatatgtt ctaccttaag aaaacagggt 1140
tatgtaacaa agtaatgggt ttgaatggat gatgtcagtt catgggcctt tagcatagtt 1200
ttaagcatcc tttttttttg aaagtgttga aagtgtgtta gcatcttgtt actcaaagg 1260
taagacagac aataatactt cactgaatat taataatctt tactagttta cctcctctgc 1320
tctttgccac ccgataactg gatattcttt ccttcaaagg accctaaact gattgaaatt 1380
taagatatgt atcaaaaaca ttatttcatt taatgcacat ctgttttgct gtttttgagc 1440
agtgtgcagt ttaggggttca tgataaatca ttgaaccaca tgtgttaacaa ctgaatgcc 1500
aatcttaaac tcattagaaa aataacaaat taggttttga cacgcattct taattggaat 1560
aatggatcaa aaatagtgtg tcatgacctt accaaacacc cttgtacta ataaaaatca 1620
ataacactta gaagggtatg tatttttagt tagggtttct tgatcttggg ggatgtttga 1680

```



```

aagttaaaaa ttgaatttgg taaccaaagg actgatttat gggctcttcc tatcttaacc1740
aacgttttct tagttacctg gatggccaag tacagtgcct ggtatgtagt aagactcagt1800
aaaaaagtgg atttttaaaa ataactccca aagtgaatag tcaaaaatcc tgtagcaaa1860
ctgttatata ttgctaagtt tgttctttta acagctggaa tttattaaga tgcattattt1920
tgattttatt cactgcctaa aacactttgg gtggtattga tggagttggg ggattttcct1980
ccaagtgatt aaatgaaatt tgacgtatct tttcatccaa agttttgtac atcatgtttt2040
ctaacggaaa aaaatgttaa tatggctttt ttgtattact aaaaatagct ttgagattaa2100
ggaaaaataa ataactcttg tacagttcag tattgtctat taaatctgta ttggcagtat2160
gtataatggc atttgctgtg gttacaaaat acttcctctg gggtataata atcatttgat2220
ccaattccta ttgcttgtaa aataaagttt taccagttga tataaaaaaa aaa 2273

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 29:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1574 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 29:

```

gctctctgct ccggtgcagg cgcgcagggc gccctgggct gggagcaacg cgactgaccg 60
tggtcgtggg cggacggcgg ctgcagcgtg gaggagctgg ggtcgcgtgt ggtcgcgaac 120
agagcccggg acgtgcgcgc ttggtgcacg atcctgaagg ggagctccga ggggcccggg 180
tcgccagggc tgctgcggcc attcccggag cccggcgcgg ggcccgcgag atactggttt 240
aggccgtccc agggctccgg gcgcacccgg tggccgctgc tgcagcggag ggagcgcggc 300
ggcgcggggg gctcggagac agcgtttctc ccggaagtct tcctcgggca gcaggtggga 360
agtgggagcc ggagcggcag ctggcagcgt tctctccgca ggtcggcacc atgcgccctg 420
cagccctgcg cgggggccctg ctgggctgcc ctgcctggc gttgctttgc ctgggcgggtg 480
cggacaagcg cctgcgtgac aaccatgagt ggaaaaaact aattatggtt cagcactggc 540
ctgagacagt atgcgagaaa attcaaaacg actgtagaga ccctccgat tactggacaa 600
tacatggact atggcccgat aaaagtgaag gatgtaatag atcgtggccc ttcaatttag 660
aagagattaa ggatcttttg ccagaaatga gggcactact gcctgacgta attcactcgt 720
ttccaatcg cagccgcttc tggaagcatg agtgggaaaa gcatgggacc tgcgcccggc 780
aggtggatgc gctcaactcc cagaagaagt actttggcag aagcctggaa ctctacaggg 840
agctggacct caacagtgtg cttctaaaat tggggataaa accatccatc aattactacc 900
aagttgcaga ttttaaagat gcccttgcca gagtatatgg agtgataccc aaaatccagt 960

```

```

gccttcacc aagccaggat gaggaagtac agacaattgg tcagatagaa ctgtgcctca1020
ctaagcaaga ccagcagctg caaaactgca ccgagccggg ggagcagccg tcccccaagc1080
aggaagtctg gctggcaaat ggggccgccc agagccgggg tctgagagtc tgtgaagatg1140
gccagctctt ctatcccca ctaaaaaaga ccaagcattg atgcccaagt tttggaaata1200
ttctgtttta aaaagcaaga gaaattcaca aactgcagct ttctaaaaaa caactccaaa1260
gtgaagtctg tttattttgc tgtttcccct ccattgcctgt gaattgggtg ttgtgggtccc1320
tgtagagtga gtgcatgtgg cgtacacggg gggaaaggag ctctgccacg cctgggtggc1380
tgttttgggc ttgggataaa ggtcgcggga ttgtttaggg ttttttctct gttaaactct1440
tcagtccccg ggtagatcag gcagggatac ttgggattta gacagggtgg accgggttcag1500
ggggactccg ctgggcggag gttttcccc tgggagccgg cttgcctgct ttggggaagg1560
ggccctggga aggc

```

1574

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 30:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 3070 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 30:

```

ccggagtgtg ttaaatcggg tctgttctgt cctctccacc acccccaccc ccctccctcc 60
ggtgtgtgtg ccgctgccgc gcgaccgccg agcctcgtca gcctgcgcag cccctcacag 120
gaggccagc ccgagtgcag tccagaagcc ccccagcgg aggcgccaga gtaaaagagc 180
aagcttttgt gagataatcg aagaactttt ctcccccggt tgtttgttgg agtgggtgcca 240
ggtactgggt ttggagaact tgtctacaac cagggattga ttttaaagat gtcttttttt 300
attttacttt tttttaagca ccaaattttg ttgttttttt tttttctccc ctccccacag 360
atcccatctc aaatcattct gttaaccacc attccaacag gtcgaggaga gcttaaacac 420
cttcttcttc tgccttgttt ctcttttatt ttttattttt tcgcatcagt attaattgtt 480
ttgcatactt tgcattttta ttcaaaagtg taaactttct ttgtcaatct atggacatgc 540
ccatatatga aggagatggg tgggtcaaaa agggatatca aatgaagtga taggggtcac 600
aatggggaaa ttgaagtggg gcataacatt gccaaaatag tgtgccacta gaaatgggtg 660
aaaggctctt tttttttttt ttaaaaagaaa agttattacc atgtattttg tgaggcaggt 720
ttacaacact acaagtcttg agttaagaag gaaagaggaa aaaaagaaaa acaccaatac 780
ccagatttaa aaaaaaaaaa acgatcatag tcttaggagt tcatttaaac cataggaact 840
tttcacttat ctcatgttag ctgtaccagt cagtgattaa gtagaactac aagttgtata 900

```

```

ggctttattg tttattgctg gtttatgacc ttaataaagt gtaattatgt attaccagca 960
gggtgttttt aactgtgact attgtataaa aacaaatctt gatatccaga agcacatgaal020
gtttgcaact ttccacctg cccatttttg taaaactgca gtcactcttg accttttaaa1080
acacaaattt taaactcaac caagctgtga taagtggaaat ggttactgtt tatactgtgg1140
tatgtttttg attacagcag ataatgcttt cttttccagt cgtctttgag aataaaggaa1200
aaaaaatctt cagatgcaat ggttttgtgt agcatcttgt ctatcatgtt ttgtaaatac1260
tgagagaagct ttgaccaatt tgacttagag atggaatgta actttgctta caaaaaattgc1320
tattaaactc ctgcttaagg tgttctaatt ttctgtgagc acactaaaag cgaaaaataa1380
atgtgaataa aatgtaaaaa attgttgtgt ttttttatgt tctaataata ctgagacttc1440
taggtcttag gttaattttt aggaagatct tgcatgccat caggagtaaa ttttattgtg1500
gttcttaatc tgaagttttc aagctctgaa attcataatc cgcagtgtca gattacgtag1560
aggaagatct tacaacattc catgtcaaat ctgttaccat ttattggcat ttagttttcal620
tttaagaatt gaacataatt atttttattg tagctatata gcatgtcaga ttaaatcatt1680
tacaacaaaa ggggtgtgaa cttatggtta ttatgagaa atttcaaaa1740
gccattctct tgtcattcag gtccagaaac aaattctaaa ctgagtgaaga gtctatagaal800
tccatactgc agatgggtca tgaaatgtga ccaaagtgtt ttcaaaaatt gatgggtgat1860
tacctgctat tgtaattgct tagtgcttgg ctaatttcca aattattgca taatatgttc1920
taccttaaga aaacagggtt atgtaacaaa gtaatgggtg tgaatggatg atgtcagttc1980
atgggacctt agcatagttt taagcatcct tttttttttt tttttgaaag tgtgttagca2040
tcttgttact caaaggataa gacagacaat aatacttcac tgaatattaa taatctttac2100
tagtttacct cctctgctct ttgccaccg ataactggat atcttttctt tcaaaggacc2160
ctaaactgat tgaaatttaa gatatgtatc aaaaacatta tttcatttaa tgcacatctg2220
ttttgctgtt tttagcagt gtgcagttaa ggggtcatga taaatcattg aaccacatgt2280
gtaacaactg aatgccaaat cttaaactca tagtggttca aacaaattag gttttgacac2340
gcattcttaa ttggaataat ggatcaaaaa tagtggttca tgaccttacc aaacacctt2400
gctactaata aaatcaata acacttagaa ggggtatgtat ttttagttag ggtttcttga2460
tcttgaggga tgtttgaaag ttaaaaattg aatttggtaa ccaaaggact gatttatggg2520
tctttcctat cttaaccaac gttttcttag ttacctagat ggccaagtac agtgcctggg2580
atgtagtaag actcagtaaa aaagtggatt tttaaaaata actcccaaag tgaatagtca2640
aaaatcctgt tagcaaactg ttatatattg ctaagtttgt tcttttaaca gctggaattt2700
attaagatgc attattttga ttttattcac tgcctaaaac actttgggtg gtattgatgg2760
agttgggtga ttttcttcca aytgattaaa tgaaatttga cgtatctttt catccaaagt2820
tttgtagatc atgttttcta acggaaaaaa atgttaatat ggcttttttg tattactaaa2880
aatagctttg agattaagga aaaataaata actcttgtac agttcagtat tgtctattaa2940
atctgtattg gcagtatgta taatggcatt tgctgtgggt acaaaatact tcctctgggt3000
tataataatc atttgatcca attcctattg cttgtaaaaa aaagttttac cagttgatat3060
aaaaaaaaa

```

3070

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 31 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2751 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:31:

```
tggggctgga gtgcactagt ctttttgctt ggtagttttg catggtttag ggtaaaaaat 60
aattccgaag atacaccagc tcacaaatga aaacgtcagc ctctgcgcca cctccctcc 120
tgcccaaagt gaatttggtg ctcagaaaag aactgtttat accactcacc ttctcccag 180
catgtactca ctgtgggcag atgacattat aatgtgctat cttttaaagac 240
gtaggaaact caatattctt ctctaaccat atacgatagg gctcttcctt tttaatgata 300
tctgggattt ctgtggaact tggcaaatTT tcagagcacc ttcactcaca taatgtcatt 360
tgaacctcac aatgttcttg ggatggagtc agttgttcag ggtccccgtg tgtgtgataa 420
gcagtgtctg ctggctgtct tcagaactct tggaaatctt tacacatgcg agtgctaacc 480
actttgagca aggtgcctt cttgtagatg acttgctgtt ctttatgaca gggatcagtg 540
gcatttgttt cctagcagta tttagcacct ttttgccacc ttggtgaaca gaaaattgta 600
ttttcctgtc tttcatggct gaaaacaaaa gtaatgggaa ttttaaatac gtttgcagaa 660
actgcccctc cctcattga gggtcactgc tcaagagtgc aggagtggac tctccactga 720
tggtctctcc tccccatcct ggtttccacc ccgggctggc tagctctgtt ggtttgaaga 780
ctgacagcca gcctggctca ttctcattat tggctagtta gctttcttta tcaacctgct 840
cactcacaaa tgtgtgccct cagccagaga gtaagaaagc ccaaactctg tacagcttct 900
aaaaaaatag atttctaatt tgtcctactc atgttaggag cattatcttt gaaggtaaaa 960
catagtgtat catttgttaa actcccaggc ttgatgtagc agaagagatc atttctggag 1020
gcttcagcaa tggaatttag cattataaga gagattggac aaaccagtcc aaagtggctc 1080
gagttcttaa atccaggtag ggaactcact cttctttctt ctctggacct aattgggcat 1140
tggtcttttag tgagaccaca gaccaggccc gtctctctct taggctttta attcaatggc 1200
aactctatTT tagatcagcc gtaactggaa cgtagaatct acgtctgcct ctgaatggac 1320
gggaggtcca tctctctctg ctctgatgct tgcctctggg cctctccatg cccaagtggt 1380
ttcccacctc ttgacaggct ggtaatgtgc tggccacctc cagctcctgc atcgagtctg 1440
tctttcatcc ctggttctca tggccttcgt cacgatacca ggatacggag gggagcccag 1500
taaaccagag ggccatccat acccacccca gggtaacggg gctggcctgg cattagtcat tatttagttt 1560
ccaggccaac catccagata gagattccct ctttcctttg agcagtgtc tcaagagctc 1620
cgtgcctgtc cacaatgacc tagagtgcac cctgtcatt gtcagtgtag cccctgcgcc 1680
ctatatTCat ccaggatact tggaaagtgt aaaataggaa gggattcggc tttcaacttt 1740
gctaccatct tccctgaagc aggaaaatga acatggactt aaatgttctt tgaaaaaac 1800
aaagtTTTaa gatttgctgt gtgatgaagt gacagggagg gccggagtca gcaggtgcc 1860
gactttctgt tctgtctgcc atgggtttgt ccagctcagg tagctctagg agcaccatcc 1920
tgccctagca gagcccaggc cttgccctca tgaagcatca ttgaaatagc aggagcatgt 1980
tgatttcttg gttaggttgc attataataa caagagtcag aacattaatt cgaaacaact 2040
tgcagtatgc atttcttcac accagtacat tcttaagtgt acttgtttat aaggaataac 2100
ataaactaat ctgtaccttt atatatatgt gtgtgtacat atatacatat ataaactgta 2160
tagtgtacat ggtaatgatt tattgtctatg cccagatcc ttaatgtagt tctcatcctc 2220
cgcagtccct cagccacaag cgggtgactg actgttccct gatgatttgg ccacctcctc 2280
gtgtttggac ctctagggag gagggttttg gtcatactct ccttatcctc gtgcacagaa 2340
atgctcaggg tccccatgtg cctgttgttc agccctctct cttgttccct ttctgagcat 2400
gtggtccttc cccaggctgt gggacagctg ctttcccacg aaagtgtaaa gcagtattaa 2460
gatcattact gcatgtgccc taaaaacca agttttctat tcccttagga cagaaaattg 2520
catgtgaggt gggataatcg agtttcagtg acccacgtca gttacacatt aaagccagac 2580
cccatgataa aattccacaa aatggaaata aaactcaaat ttcttttagc ttgtgtaaat 2640
aaatctgaat gtgtttaact ttgtactggg aattttctgt atatttgtaa tatttgggtt 2700
aaaaataaaa cagactggac tttgttacct gacctactga aaaaaaaaaa a 2751
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 33:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 890 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 33:

```

ggcggcgggg aggggggggg cggatgcggg gacagcggcc tggctaactc ctgccaggca 60
gtgcccttcc cggagcgtgc cctgcgcgt gagctccct gatcagcagg tggagcagca 120
atggccccgc cctgggtgac cgccatgggc ttacgctgg cgcccagcct ggggtgcttc 180
gtgggctccc gctttgtcca cggcgagggt ctccgctggt acgcggcct gcagaagccc 240
tcgtggcacc cgccccactg ggtgctgggc cctgtctggg gcacgctcta ctacgccatg 300
gggtacggct cctacctggt ctggaaagag ctgggaggct tcacagagaa ggctgtggtt 360
cccctgggcc tctacactgg gcagctggcc ctgaactggg catggcccc catcttcttt 420
ggtgcccgac aaatgggctg ggccttggtg gatctcctgc tggtcagtgg ggcggcgcca 480
gcactaccgt ggcctggtac caggtgagcc cgctggccgc ccgcctgctc taccctacc 540
tggcctggct ggccttcgca accaactca actactgct atggcgggac aaccatggct 600
ggcgtggggg acggcggtg ccagagtga tgcccgccc accagggact gcagctgcac 660
cagcaggtgc catcacgct gtgatgtggt ggccgtcac ctttcatgac cactgggcct 720
gctagtctgt cagggccttg gccagggtg cagcagagct tcagaggtg cccacactga 780
gccccaccc gggagcagtg tcctgtgct tctgcatgct tagagcatgt tcttgaaca 840
tgaatttta taagctgaat aaagttttt acttccttta aaaaaaaaaa 890

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 35:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 693 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 35:

```

cgctcctttca tccgggcggt tgccctgcagc aagatggcgg cggctctcaat gtcagtggta 60
ctgaggcaga cgttggtggc gagaaggga gtggctgtag ctgccctttc cgtttccagg 120
gttccgacca ggtcggtgag gacttccaca tggagattgg cacaggacca gactcaagac 180
acacaactca taacagttga tgaaaaattg gatataccta ctttaactgg cgttccagaa 240
gagcatataa aaactagaaa agtcaggatc tttgttcctg ctgcgaataa catgcagtct 300
ggagtaaaca acacaaagaa atggaagatg gagtttgata ccaggagcgg atgggaaaat 360
cctttgatgg gttgggcac aacggctgat cccttatcca acatggttct aaccttcagt 420
actaaagaag atgcagtttc ctttgcagaa aaaaatggat ggagctatga cattgaagag 480
aggaagggtc caaaaccaa gtccaagtct tatggtgcaa acttttcttg gaacaaaaga 540
acaagagtat ccacaaaata ggttggcact gactatatct ctgcttgact gtgaataaag 600
tcagctatgc agtatttata gtccatgtat aataaatata tctcttaatc tcctaataaa 660
ttggaccctt aaactacaaa aacaaacaaa aaa

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 36:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1054 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 36:

```

gcagctcacg cgactgctgc agccggcgct gggcccaggc accaccgcgg tgctgctgct 60
gcagatctcc acgcggccgg aggatctcgg ggagacagtc tgctccctca agttcgccga 120
ccgagtgggt caagtggagc tggggccagc ccggcgccgc aggggtcccgc gtcctccgg 180
gacgccttct tccctcagca ccgacactcc gctcaccggg acccctgca cccctacgcc 240
gtcccctggc agtccctccat gccccagtc cgacaacggc tcgggctcgg ctctcgcgcc 300
cgagagggc ctgcccctct agtcctgggt cgcggccctg cccatggggg ctcaggccag 360
gtctctgctg gcagaggcgg tagtaaagtc cctgtacccc gtctcccagg gcacaagctc 420
cctagcctct ttggatccat tgcccctgag ctcccagagt gacccctcca cctccgcagc 480
cagtgaagtg tgttgctgct gctgaagtga tcacccccg cccccaaccc tccatcggc 540
cacaggtctc ggttcttaccat ttgctgttat caggcacac agcagggaat 600
cccaggcccc ccgccaagt ggttacccaa gtcaccactc ctgacccaaa aatcaggcat 660
ggcattaaaa cgttgcaaat tcttttactg ttatccccc caccaccagg accatgtagg 720
gtgcagtctt tactccctaa ccggtttccc gaaaaagggt ctacctctt tccagacaga 780
tgagagaggg caggacttca ggctggatcc accactgggc tctccctccc ccagcctgga 840
gcacgggagg ggaggtgacg gctggtgact gatggatggg tagtgggctg agaagagggg 900
actaggaagg gctattccag gctcagccct gctcctgcag ctttgccgct gagtgtagga 960
aaaacaggca tgacagacca gggtaggggt tgtgccagc tgggccacgg ccatgcgtgg 1020
ggtggcccaa taaacaccgt ggaactccaa aaaa 1054

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 37:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 541 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 37:

```

aaaaatattt gctggaaagg acggtgggag gattacaggc gtgagccact gcgcccggcc 60
acattcagtt cttatcaaag aaataaccca gacttaatct tgaatgatac gattatgccc 120
aatattaagt aaaaaatata agaaaagggt atcttaaata gatcttaggc aaaataccag 180
ctgatgaagg catctgatgc cttcatctgt tcagtcactc ccaaaaacag taaaaataac 240
cactttttgt tgggcaatat gaaattttta aaggagtaga ataccaaatg atagaaacag 300
actgcctgaa ttgagaattt tgatttttta aagtgtgttt ctttctaaat tgctgttctt 360

```

```

taatttgatt aatttaattc atgtattatg attaaatctg aggcagatga gcttacaagt 420
attgaaataa ttactaatta atcacaaatg tgaagttatg catgatgtaa aaaatacaaa 480
cattctaatt aaaggctttg caacacaaaa gaaagaaaaa aagaaaagaa aagggaaagg 540
g
541

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 38:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1187 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 38:

```

cggctcgagg ccattcacca acccggcccg caaggacgga gcaatgttct tccactggcg 60
acgtgcagcg gaggagggca aggactaccc ctttgccagg ttcaataaga ctgtgcaggt 120
gcctgtgtac tcggagcagg agtaccagct ttatctccac gatgatgctt ggactaaggc 180
agaaactgac cacctctttg acctcagccg ccgctttgac ctgcgttttg ttgttatcca 240
tgaccggtat gaccaccagc agttcaagaa gcgttctgtg gaagacctga aggagcggta 300
ctaccacatc tgtgctaagc ttgccaacgt gcgggctgtg ccaggcacag accttaagat 360
accagtatth gatgctgggc acgaacgacg gcggaaggaa cagcttgagc gtctctacaa 420
ccggacccca gagcaggtgg cagaggagga gtacctgcta caggagctgc gcaagattga 480
ggcccgggaag aaggagcggg agaaacgcag ccaggacctg cagaagctga tcacagcggc 540
agacaccact gcagagcagc ggcgcacgga acgcaaggcc cccaaaaaga agctacccca 600
gaaaaaggag gctgagaagc cggctgttcc tgagactgca ggcatcaagt ttccagactt 660
caagtctgca ggtgtcacgc tgcggagcca acggatgaag ctgccaagct ctgtggggaca 720
gaagaagatc aaggccctgg aacagatgct gctggagctt ggtgtggagc tgagcccagc 780
acctacggag gagctggtgc acatgttcaa tgagctgcga aggacctggg gctgctctac 840
gagctcaagc aggcctgtgc caactgcgag tatgagctgc agatgctgcg gcaccgtcat 900
gaggcactgg cccgggctgg tgtgctaggg ggccctgcc caccagcatc agggccaggc 960
ccggcctctg ctgagccggc agtgactgaa cccggacttg gtcctgaccc caaggacacc1020
atcattgatg tgggtgggcgc acccctcacg cccaattcga gaaagcgacg ggagtcggcc1080
cccagctcat cttccgtgaa gaaagccaag aagccgtgag agggccacg ggggtgtgggc1140
gacgctgtta tgtaaataga gctgctgagt tggaaaaaaa aaaaaaa 1187

```


(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 39:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2281 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 39:

```

gggtagaagt cggtagagcc agaaactcac ttttgatggt ggtgtgcccc tagtggcgag 60
ctggattcta aatcgtgccc tttattccct gcagccctga agttcagtcc atcttgaaga 120
tctcccaacc tcaggagcct gagcttatga atgccaaacc ttctcctcca ccaagtcctt 180
ctcagcaaat caaccttggc ccgtcgtcca atcctcatgc taaacatctt gactttcact 240
tcttgaaagt gatcggaag ggcagttttg gaaaggttct tctagcaaga cacaaggcag 300
aagaagtgtt ctatgcagtc aaagtgttac agaagaaagc aatcctgaaa aagaaagagg 360
agaagcatat tatgtcggag cggaatgttc tgttgaagaa tgtgaagcac cctttcctgg 420
tgggccttca cttctctttc cagactgctg acaaattgta ctttgtccta gactacatta 480
atggtggaga gttgttctac catctccaga gggaacgctg cttcctggaa ccacgggctc 540
gtttctatgc tgctgaaata gccagtgcct tgggtacact gcattcactg aacatcggtt 600
atagagactt aaaaccagag aatattttgc tagattcaca gggacacatt gtccttactg 660
acttcggact ctgcaaggag aacattgaac acaacagcac aacatccacc ttctgtggca 720
cgccggagta tctcgcacct gaggtgcttc ataagcagcc ttatgacagg actgtggact 780
ggtggtgcct gggagctgtc ttgtatgaga tgctgtatgg cctgccgcct ttttatagcc 840
gaaacacagc tgaatgtac gacaacattc tgaacaagcc tctccagctg aaaccaaata 900
ttacaaattc cgcaagacac ctctggagg gcctcctgca gaaggacagg acaaagcggc 960
tcggggccaa ggatgacttc atggagatta agagtcatgt cttcttctcc ttaattaact 1020
gggatgatct cattaataag aagattactc ccccttttaa cccaaatgtg agtgggcccc 1080
acgacctacg gcactttgac cccgagtta ccgaagagcc tgtccccaac tccattggca 1140
agtcccctga cagcgtcctc gtcacagcca gcgtcaagga agctgccgag gctttcctag 1200
gcttttcccta tgcgcctccc acggactctt tcctctgaac cctgttaggg cttggtttta 1260
aaggatttta tgtgtgtttc cgaatgtttt agttagcctt ttggtggagc cgccagctga 1320
caggacatct tacaagagaa tttgcacatc tctggaagct tagcaatctt attgcacact 1380
gttcgctgga agctttttga agagcacatt ctccctcagt agctcatgag gttttcattt 1440
ttattcttcc ttccaacgtg gtgctatctc tgaaacgagc gttagagtgc cgccttagac 1500
ggaggcagga gtttcgttag aaagcggacg ctgttctaaa aaaggtctcc tgcagatctg 1560
tctgggctgt gatgacgaat attatgaaat gtgccttttc tgaagagatt gtgttagctc 1620
caaagctttt cctatcgagc tgtttcagtt ctttattttc ccttgtggat atgctgtgtg 1680
aaccgtcgtg tgagtgtggt atgcctgac acagatggat tttgttataa gcatcaatgt 1740

```

```

gacacttgca ggacactaca acgtgggaca ttgtttgttt cttccatatt tggagataa1800
atztatgtgt agactttttt gtaagatacg gtaataaact aaaattttatt gaaatggtct1860
tgcaatgact cgtattcaga tgcttaaaga aagcattgct gctacaaata tttctatttt1920
tagaaagggt ttttatggac caatgccccca gttgtcagtc agagccgttg gtgtttttca1980
ttgtttaaaa tgtcacctgt aaaatgggca ttatttatgt tttttttttt gcattcctga2040
taattgtatg tattgtataa agaacgtctg tacattgggt tataacacta gtatatttta2100
acttacaggc ttatttgtaa tgtaaacac cattttaatg tactgtaatt aacatgggta2160
taatacgtac aatccttccc tcatcccatc acacaacttt ttttgtgtgt gataaactga2220
ttttgggttg caataaaacc ttgaaaaata tttaaaaaaa aaaaaaaaaa ggggcggccg2280
c
2281

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 40:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1759 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 40:

```

gcggcggcgg ttgaactgac tcggagcgag gagacccgag cgagcagacg cggccctggc 60
gcccgccttg cgcactcacc atggcgatgc atttcatctt ctcagatata gcggtgcttc 120
tgtttgattt ctggagtgtc cacagtcctg ctggcatggc cctttcgggtg ttggtgctcc 180
tgcttctggc tgtactgtat gaaggcatca aggttggcaa agccaagctg ctcaaccagg 240
tactggtgaa cctgccaacc tccatcagcc agcagaccat cgcagagaca gacggggact 300
ctgcaggctc agattcattc cctgttggca gaacccacca caggtgggtat ttgtgtcact 360
ttggccagtc tctaattccat gtcattccagg tggcatcagg ctacttcacg atgctggccg 420
taatgtccta caaaccttg attttcttg gtgtggtctt gggctctgct gtgggctact 480
acctagctta cccacttctc agcacagct agctggtgag gaacgtgcag gcactgaggc 540
tgaggggaca tggagcccc tcttcagac actatacttc caactgccct ttcttctgat 600
ggctattcct ccaccttatt cccagccctt ggaaactttg agctgaagcc agcacttgct 660
ccctggaggt cggaagccat tgcagcaacc ttccttctca gccagcctac atagggccca 720
ggcatgggtc tgtgtcttaa gacagctgct gtgaccaaag ggagaatgga gataacaggg 780
gtggcagggt tactgagccc atgacaatgc ttctctgtga ctcaaaccag gaatttccaa 840
agatttcaag ccagggagaa gggttcttgg tgatgcaggg catggaacct ggacaccctc 900
agctctcctg ctttgtgcct tatctacagg agcatcgccc attggacttc ctgacctctt 960

```

```

ctgtctttga gggacagaga ccaagctaga tcctttttct cacctttctg cctttggaac1020
acatgaagat catctcgtct atggatcatg ttgacaaact aagttttttt tttttttccc1080
attgaactcc tagttggcaa ttttgacat tcatacaaaa aaatttttaa tgaaatgatt1140
tcattgattc atgatggatg gcagaaactg ctgagaccta tttcccttcc ttggggagag1200
aataagtac agctgattaa aggcagagac acaggactgc tttcaggctc ctgggtttatt1260
ctctgataga ctgagctcct tccaccagaa ggcactgcct gcaggaagaa gatgatctga1320
tgcccggtgg tgtctgggaa gctcttcgtg gcctcaatgc cctcctttat cctcatcttt1380
cttctatgca gaacaaaaag ctgcatctaa taatgttcaa tacttaatat tctctattta1440
ttacttactg cttactcgta atgatctagt ggggaaacat gattcattca cttaaaatac1500
tgattaagcc atggcaggta ctgactgaag atgcaatcca accaaagcca ttacattttt1560
tgagttagat gggactctct ggatagttga acctcttcac ttataaaaaa aggaaagaga1620
gaaaatcact gctgtatact aaatacctca cagattagat gaaaagatgg ttgtaagctt1680
tggaatttaa aaacaaacaa atacatttta gtaaatatat aaatttttaa tagaaaaaa1740
agaaatant agcagggtt

```

1759

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 41:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1447 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 41:

```

ggctacctc tggggataac cgtcccagtt gccagagaaa caataacgctc attattttaat 60
aagtcacgg tgattgggcc gccctgagg ttaatcttaa aagcccaggt taccgcgga 120
aatttatgct gtccggtcac cgtgacaatg cagctgagga acccagaact acatctgggc 180
tgccgcgttg cgcttcgctt cctggccctc gtttccctggg acatccctgg ggctagagca 240
ctggacaatg gattggcaag gacgcctacc atgggctggc tgactggga gcgcttcatt 300
tgcaacctg actgccagga agagccagat tcctgcatca gtgagaagct cttcatggag 360
atggcagagc tcatggtctc agaaggctgg aaggatgcag gttatgagta cctctgcatt 420
gatgactgtt ggatggctcc ccaaagagat tcagaaggca gacttcaggc agaccctcag 480
cgctttcctc atgggattcg ccagctagct aattatgttc acagcaaagg actgaagcta 540
gggatttatg cagatgttgg aaataaaaacc tgccgaggct tccctgggag ttttgatac 600
tacgacattg atgccagac ctttgcgtgac tggggagtag atctgctaaa atttgatgtt 660
tgttactgtg acagtttgga aaatttgga gatggttata agcacatgct cttggccctg 720
aataggactg gcagaagcat tgtgtactcc tgtgagtggc ctctttatat gtggcccttt 780

```

```

caaaagccca attatacaga aatccgacag tactgcaatc actggcgaaa ttttgctgac 840
attgatgatt cctggaaaag tataaagagt atcttggact ggacatcttt taaccaggag 900
agaattgttg atgttgctgg accagggggt tggaatgacc cagatatgtt agtgattggc 960
aactttggcc tcagctggaa tcagcaagta actcagatgg ccctctgggc tatcatggct 1020
gctcctttat tcatgtctaa tgacctccga cacatcagcc ctcaagccaa agctctcctt 1080
caggataagg acgtaattgc catcaatcag gaccccttgg gcaagcaagg gtaccagctt 1140
agacagggag acaactttga agtgtgggaa cgacctctct caggcttagc ctgggctgta 1200
gctatgataa accggcagga gattgggtga cctcgctctt ataccatcgc agttgcttcc 1260
ctgggtaaaag gagtggcctg taatcctgcc tgcttcatca cacagctcct ccctgtgaaa 1320
aggaagctag ggttctatga atggacttca aggttaagaa gtcacataaa tcccacaggc 1380
actgttttgc ttcagctaga aaatacaatg cagatgtcat taaaagactt actttaaaat 1440
gtttaa
1447

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 42:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 831 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 42:

```

ggagtcacctc ttgctcacc c ttgacttgg aaaaaccagtt tctcttttat tgtctgttac 60
taatctctat tctaaaaatt cagctcaatt ctcaaccata ctccaaactc tctcttttcc 120
agctaccttt actccctctc cttcaattcc actttcctct gcttactttt ttttttttcc 180
tgacagggtc tcactttgtc gcccgggcag gagtgcagtg gctcaatctt gggctcactg 240
cagcctcaac ctcccagagg cggggtttca ccatgttgcc cagactggtc ttgaactcct 300
gagcttaagc aatccacctg cctcggcctc ccaaagtgtt gggatcacag gcgtgagcaa 360
ccgcatccgg cctcatgttc tttttcatta aagagagaaa tcaactattc aggaccggcc 420
cccaccttcc ctcaggagtc atttctgttc cgcacaggcc tgctgaactg ggtgctttat 480
ataggatttc agtggagtga agttcaggag gcatggagct gacaaccatg aggctcggc 540
agccaccgcc accaccgcc cgccaccac cgtagcagca gcagcagcag cagcagcagc 600
agcagcagca gcaagagtaa ctctgactta ggaatagaga cagccagaga gaaatgtgat 660
caatgaagga gacatctgga gtgtgcgtgc ttcttcagag ggacgggtga tgggcagatt 720
ggaaaaagca ccgcagatgg gaaccttaat ctttcttttc taaaattgat gctatgaaaa 780
tttgcgtttt ctgtaacttg taaaaactaa aagttgccc tctactgaaa a 831

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 43:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 528 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 43:

```

acgaagctga ctcttgcca ggcagcccc tggttcccta cccatacccc tgtgagcttg 60
cgcagctcac gccttacctc cctccctctg gtctgcagat ctctcacttc agatttcga 120
agtacatcgt gtttgtcaca aactaccccc tcaccatttc aggaaagatc cagaaattca 180
aacttcgaga gcagatggaa cgacatctaa atctgtgaat aaagcagcag gcctgtcctg 240
gccggttggc ttgactctct cctgtcagaa tgcaacctgg ctttatgcac ctatagtgcc 300
ccagcaccca gttctgagcc aggcacatca aatgtcaagg aattgactga acgaactaag 360
agctcctgga tgggtccggg aactcgcttg ggcacaaggt gccaaaaggc aggcagcctg 420
cccaggccct cctcctgtc catccccac attcccctgt ctgtccttgt gatttggcat 480
aaagagcttc tgttttcttt ggctaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 528

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 44:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1027 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:44 :

```

gggcttggac ttgctcctg ctcccgttg accatgggac cttaaagcgt tgcacacac 60
tgatttggac agaggtgtgg ggccttcac gccgttacat acctcctgcc aattctctaa 120
ctctctgaga ctgcgaggat ctccaggcag ggttctcacc tctggagtct gaccaattac 180
ttcatttttg ttcaaattggc caattgtgca gagggacaaa gccacagcca cactcttcaa 240
cggttaccaa actgtttttg gaaattcaca ccaaggtcgg gccactgca ggcagctggc 300
acacgtggcc cgaggggctg tggaacgggt cccggaactg tcagacatgt ttgattttag 360
cgtttccttt gttcttcaaa tcaggtgccc aaataagtga tcagcacagc tgcttccaaa 420
taggagaaac cataaaatag gatgaaaatc aagtaaaatg caaagatgtc cacactgttt 480
taaacttgac cctgatgaaa atgtgagcac tgttagcaga tgcctatggg agaggaaaag 540
cgtatctgaa aatggtccag gacaggagga tgaaatgaga tcccagagtc ctcacacctg 600
aatgaattat acatgtgcct taccaggtga gtggtctttc gaagataaaa aactctagtc 660
cctttaaacg tttgccctg gcgtttccta agtacgaaaa ggtttttaag tcttcgaaca 720
gtctcctttc atgactttta caggattctg cccctgagg tgtaattttt ttgttctatt 780
tttttcacg tactccacag ccaacatcac gaggtgtaat ttttaatttg atcagaactg 840
ttacaaaaaa acaactgtca gttttattga gatgggaaaa atgtaaacct atttttatta 900
cttaagactt tatgggagag attagacact ggaggttttt aacagaacgt gtatttatta 960
atgttcaaaa cactggaatt acaaatgaga agagtctaca ataaattaag atttttgaat 1020
ttaaaaa

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 45:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2160 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:45 :

```

acttcctcca agtgataatc cagatcttga tccagaagag gatgaaccac gcttgaggcc 60
tcttggcctc acatacagtt ggtatatgaa ttcttcttga gatcttttga gagccctgat 120
ttccagccta gcattgcaaa acgatacatt gatcagaaat tcgtacaaca gctcctggag 180
ctttttgata gtgaagatcc cagagaacgt gacttcctga agactgttct gcaccgaatt 240
tatggggaat ttcttggatt aagagcattc atcagaaaac aaattaacaa cattttcctc 300
aggtttatat atgaaacaga acatttcaat ggtgttgctg aacttcttga aatattagga 360
agtattatca atggctttgc attgccactg aaagcagaac ataaacaatt tctaatagaag 420
gttcttattc ctatgcatac tgcaaaaagga tttagctttgt ttcatgctca gctagcatat 480
tgtgtgttac agttcctgga gaaagataca acactaacag agccagtgat cagaggactg 540
ctgaaatctt ggccaaaaac ctgcagtcag aaagaggtga tgtttttagg aaaaattgaa 600
cagatatcca agtgtgtatc cagttctcat ttccaggctg cagaaagggc attgtacttc 660
tggaataacg aatatattct tagtttgatt gaggagaaca ttgataaaat tctgccaatt 720
atgtttgcca gtttgtaaca aatttccaaa gaacactgga atccgaccat tgtagcactg 780
gtatacaatg tgctgaaaac cctaattgaa atgaatggca agcttttcca tgacctact 840
agctcatata aagctgaaaag acagagagag aaaaagaagg aattggaacg tgaagaatta 900
tggaaaaaat tagaggagct aaagctaaag aaagctctag aaaaacagaa tagtgcttac 1020
aacatgcaca gtattctcag caatacaagt gccgaataaa aaaaagcct cccacctctg 1080
ccgataggc agagttttgt atgctttttt gaaatatgta aaaattaca aacaaacctc 1140
atcagtataa tataattaaa aggccaattt tttctggcaa ctgtaaatgg aaaaatatat 1200
ggactaaacg tagccctgtg ctgtatcatg gccatagtat attgtaacct ttgtctaact 1260
attggattta ttgtgtcact tctgaagttt cacagaaatg aatgaatttt atcatctatg 1320
atatgagtga gataattatg ggagtggtaa gaattatgac ttgaattctt ctttgattgt 1380
gttgacata gatatggtag tctgctctgt atatttttcc cttttataat gtgcttttca 1440
cactgctgca aaccttagtt acatcctagg aaaaaatact tcctaaaata aaactaagg 1500
atcatcctta ccttctctt tgtctcacc agaaatatga tggggggaat tacctgccct 1560
aaccctccc tcaataaata cattactgta ctctggaatt taggcaaac cttaaatctc 1620
caggctttt aaagcacaaa atataaataa aagctgggaa aqtaaaccaa atttctcag 1680
attgttctc atgaatatcc ccttctctt gcaattctcc agagtggtaa cagatgggtal 1740
gaggcagctc aggtgaatta ccagcttgc ctctcaattc attcctctc ttctctcaal 1800
aggctgaagg cagggccttt ccagctctca caacctgtcc ttcacctagt cctcctgac 1860
ccagggatgg aggttttag tcccacagt tggtgataga gagcactagt tgtcactgcc 1920
tggttttatt taaaggaact gcagtaggct tctctgtag agctctgaaa aggttgacta 1980
tatagaggtc ttgtatgtt ttacttggtc aagtatttct cacatctttt gttatcagag 2040
taccattcca atctcttaac ttgcagttgt gtggaaaact gttttgtaat gaaagatctt 2100
cattggggga ttgagcagca ttaataaag tctatgtttg tattttgcct taaaaaaaaa 2160

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 46:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 642 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:46 :

```

gagccg cgcgccctggc gcatgcgcgc cygcgaccac gcccaaat 60
tyc ggtgc cctccacggg taccgcggct ctccgcccct cttctcgcg ggcctcgagg 120
gaccatggcc gatcctcgcg tgagacagat caagatcaag accggcgtgg tgaagcggtt 180
ggtcaaagaa aaagtgatgt atgaaaaaga ggcaaaacaa caagaagaaa agattgaaaa 240
aatgagagct gaagacgggtg aaaattatga cattaataag caggcagaga tcctacaaga 300
atccaggatg atgatccag attgccagcg caggttggaa gccgcatatt tggatcttca 360
acggatacta gaaaatgaaa aagacttggg agaagctgag gaatataaag aagcacgttt 420
agtactggat tcagtgaagt tagaagcctg aaacttttct cgtatggggg ggtttttgca 480
ttaaatcctg ggggtccatt tacaatccat tatttttgac cactgctaata tgggttcaag 540
gagggatgag gaattgtcga ttggttttta gctgggttaca atataagatt cgtttgcgta 600
atttgacaat gcaaagaaaa tgggggcacc cgattaaaaa aa 642

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 47:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1415 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:47 :

```

ggcatctggc agaggggggt ggggctgggc cagctggggg agagcggagg agcgggtgcc 60
ggctgaagcg gggcggtggg cgcggagcga atgggggcac cgacaccact cctcaccggc 120
agccgggtgc tgagggccgc ggtgtgggtg cgcggacagt cagggcgagc gtgggcagcg 180
cgcacggcct gccagcccgg ggcgccagaa tcctgcgctg cggggccgag aggggcgccc 240

```



```

cgcccgccgc agcctggagc tttccgcgaa cctcggggcg cccatgacgg cggcggcgac 300
ggctaccgtg ctcaaggagg gcgtgctgga gaagcgcagg gcggggctgc tgcagctgtg 360
gaagcgggaa gctgcgtcct caccgaacgc gggctgcagc tcttcgaggc caagggcacg 420
ggcggccggc ccaaggagct cagcttcgcc cgcacaaagg ccgtggagtg cgtggagagc 480
accgggccc accatctactt cacgctggtg accgaagggg cggcgagatc gacttccgct 540
gccccctgga agatccccgc tggaaacgccc agatcaccct aggcctggtc aagttcaaga 600
accagcaggc catccagaca gtgcggggccc ggagagcct cgggaccggg accctcgtgt 660
cctaaaccac cgggcgcacc atctttccct catgctaccc accacctcag tgctgaggtc 720
aaggcagctt cgttggtccc tctggcttgt gggggcacgg ctgtgctcca tgtggcaagg 780
tggaaggcat ggacgtgtgg aggaggcgct ggagctgaag gaatggacga gccctgggag 840
gagggcagaa ggctacgcag ggctgaggat gaagatgcag cccctggatg gtcccagact 900
ctcaggacat gccagctca ggggcttcga gccacaggcc tggcctcata tggcatgagg 960
gggagctggc ataggagccc cctccctgct gtggtcctgc cctctgtcct gcagactgct1020
cttagcccc tggcttctg ggaagcctg ggaagggcag tcccccatgg ggtggcgagc1080
caacgcctca ggaatcagga ggccagcctg gtacccaaaag gagtaccag ggctgggtac1140
ccaggccac tccagaatgg cctctggact caccttgaga agggggagct gctgggccta1200
aagccactc ctgggggtct cctgctgctt aggtcctttt gggaccccca cccatccagg1260
ccctttctt gcacacttct tccccacct ctacgcactt tccccccact gcggtgttcg1320
gcctgaaggt ggtgggggtg agggggggtt tggccattag catttcatgt ctttccccaal1380
atgaagatgc cctgcaaagg gcagtaacca caaaa

```

1415

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 48:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2949 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:48 :

```

gcgcaggcgc agtgggtgagc ggcaacatgg cgtccaggctc taagcggcgt gccgtggaaa 60
gtgggggttcc gcagccgccg gatccccccag tccagcgcga cgaggaagag gaaaaagaag 120
tcgaaaatga ggatgaagac gatgatgaca gtgacaagga aaaggatgaa gaggacgagg 180
tcattgacga ggaagtgaat attgaatttg aagcttattc cctatcagat aatgattatg 240
acggaattaa gaaattactg cagcagcttt ttctaaaggc tcctgtgaac actgcagaac 300
taacagatct cttaattcaa cagaaccata ttggggagtgt gattaagcaa acggatgttt 360

```

```

cagaagacag caatgatgat atggatgaag atgagggttt tggtttcata agccttttaa 420
atttaactga aagaaagggt acccagtggt ttgaacaaat tcaagagttg gttctacgct 480
tctgtgagaa gaactgtgaa aagagcatgg ttgaacagct ggacaagttt ttaaatgaca 540
ccaccaagcc tgtgggcctt ctcttaagtg aaagattcat taatgtccct ccacagatcg 600
ctctgcccac gtaccagcag cttcagaaag aactggcggg ggcacacaga accaataagc 660
catgtgggaa gtgctacttt taccttctga ttagtaagac atttgtggaa gcaggaaaaa 720
acaattccaa aaagaaacct agcaacaaaa agaaagctgc gttaatgttt gcaaatgcag 780
aggaagaatt tttctatgag aaggcaattc tcaagttcaa ctactcagtg caggaggaga 840
gcgacacttg tctgggaggg aaatgggtctt ttgatgacgt accaatgacg cccttgcgaa 900
ctgtgatggt aattccaggc gacaagatga acgaaatcat ggataaactg aaagaatatc 960
tatctgtcta acccatttcc aatggacagt gatgggcttg tttttgtaa attacagaa1020
aactcagtg agatttactg aaaaactcag actttattca gattaagttc ctctacaaa1080
agtaggggtc tgtcccatgt gtctctgaca catttacaaa ataccagttt tttaaaatt1140
tgggtcaaat atgagtgggt gatttcaaaa tttttttaa gatttcaaaa gcatggagtc1200
taattttaa gaactcaata aaaacttcta ttttttattt taaataata tacacagtg1260
tattttcttc aagaccgtcc tgtggatgtg aaatccgtct tgcgctcatg tatctcccat1320
atccagcagt tcagccatcc agctaccttt gggaccctgc tgcacctgtg gtttgcagg1380
gagtcactgg agagtgcac tctgttcagt ttcagggcac gtctcacaca tttgctgttc1440
cttattcatt gttgacacag gggatagggt atccactact tgctgtagaa tgccttact1500
ttcactagga ggcagattac tgaaatagta ttgtggtacc agctgcataa atagttcagg1560
agagatttct gaggtaatcc tgatgtagtt gttctcagaa atgctgaatt tatggaagag1620
gaccactctt ggcattctct tgggtattga gtaaccagac aggggatgca gctgagcaac1680
ctgcttatgt gtcagcatta agtagttacc tgatccatca acatcccag caatctgcat1740
aaagtaaccg gacagaagag ctttctttat gtttagagt ttttcttgg agccaaaagc1800
aggttctgca tagggaagct cgattcgctt gataatttct aagagttcag ctgcaataac1860
atctgccatt ctgagtgtg aacagttgag gaagtaatca cgacaccact ttccacaca1920
gtactcactg ctagaattca gagttgtgtc ttggtaaaggc ttgtaaagc tgatgagggt1980
aaagtgatct ccttcgggat gtaaaaatgt cttccaacaa gtcaaggcag cctcttcagc2040
tccatgtggc acatgtgaaa agcaatttgg agctgttacc atggccgcga ttgtagcac2100
ttcatctaca cagtcaaatt cacaggacgc taagatagac ttcgagagtt gtggatcaag2160
aggaactctt gacatgatga ttccaaattc agaaagattt ccatcattat ccagtgtgc2220
cagataatct agtcttcca atgcttcat caaatcttct ggtgctggtc tgttcatgaa2280
gtcacagtgg cctaggcccg caatgtctat cctcttcata aaaagcacca tgctgttag2340
gttggtctcc tgcatctctg ctggcttcag tggcgtcatg tctttggagg caaatcttct2400
agtgtacagg cagaaaaatt ttctgaaga agatgagcca agaactctgt tgcgtatctc2460
tgcttggtc ttgctgatgg gctgcatgac gagcgagttt gctcttattc tcgggttgta2520
cacctttctt cttccacac ccacatcgat aacaaatctg actgagttgc tccagatcaa2580
aaactctcca gagctagtag ttaacaccac tcttcttga taaacttggc atcttttttc2640
tgtttcatcg agtggcttga acaatgaaca tttctctttt ggatacaaag gaacaaccac2700
cagttctcca agatctgggt ttaggttaga tccttgatag acagtttcac agactttctc2760
aatatcttgt tcacaggcca gaaagactac aatgtcacct ttctacccg agtggtgaat2820
ttcaaagata aggcgtaaaa tagactcaaa agaactctt tgagcctcac taaggtacac2880
aacctccaca ggtgtttat ttttcacttc tatgacaggc acgtttccat aataagaatt2940
gagtttgc

```

2949

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 49:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 665 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 49:

```
cctagacccg tccggtcgca gactgtcctc cgagacgctt cctgtccggt gagcgtcgac 60
cgactgaaac ggcggcccat aatacattgc gatggcgggt aggcgtgtgg ggcggagacc 120
agggccggaa gtagagcgga ggtggtggcg gcggaggctt tggcagctcg ggactgagtg 180
caagaatcag catgattctt cagaggctct tcaggttctc ctctgtcatt cggtcagccg 240
tctcagtcca tttgcggagg aacattggtg ttacagcagt ggcatttaat aaggaacttg 300
atcctataca gaaactcttt gtggacaaga ttagagaata caaatctaag cgacagacat 360
ctggaggacc tgttgatgct agttcagagt atcagcaaga gctggagagg gagcttttta 420
agctcaagca aatgtttggt aatgcagaca tgaatacatt tcccaccttc aaatttgaag 480
atcccaaatt tgaagtcata gaaaaacccc aggcctgaag aaataaagta aaattaatct 540
ggtaatttgt cacggattag ttgtacaact agttagaagt ttcagaataa acatgcattt 600
cataactgtc aaatgttctt ttaattctga gtccaaataa attatttggt gatgttgaaa 660
aaaaa
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:50 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 904 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:50 :

```

tcaccaccga gtgatgtgct gaggcctcct gcagtgaatg ctccctccat tcctgtactc 60
aggcagtgcc attcagcaca ggagagctct ttttgccttt ggctttcaat tccaaaacat 120
gatttaattt ctaactaaat tagtatggca ctagttatga agtatctgct taaaaccctt 180
catcatgata tcctgtggat ttaaaaaactc taattccatg ttttcttccc atctgcctta 240
tatatctcat caccctgctt atcaatattc agtttgatga gcactattaa ctaaaatattg 300
aaacttaaaa acaaaagcaa gttgtcctta aaagttcttt ttttaagtaa attgttgaca 360
tactgcaaat tttctatgca aacttgcttc ctgctgttat ctgtgaagct caggaaatcc 420
aaacatttgt gtttcaacaa gggacagtaa actgtgtgtt tacagccaaa agaaatgcct 480
catagtctct aacctcaact tttgtagaag tatttttttc tctgtaatat ttttattggc 540
tcataaagat gttttcatat ctgaactcct aaataagtga aattacagta gattatatta 600
a-aaactcct tttcaggcag ccacgcttga gacttttttc ctatataact ttttccttaa 660
agttttcagc tatagcaaaa ggtagttagt tatgccagac ctaatatgag ctgccaccaa 720
caccctaga actttcagcc atggtgtctt cagaattgta gcgcatttct gaatctaggc 780
aaatcctcct tttaccggtt gaatgttttg aatgccttga ctctaccagc gcccataaat 840
gatctctagg aagggtgtt aggtaccaat tctgtttttt caactttgga aggtaaaaac 900
cccg

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 51:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1239 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 51:

```

cgaaggcagg cgcaaggagc aagcgcagat tgtggggcggc tgtgtcagct gacccaaggg 60
gccttcgagg tgccttaggc cgcttgccctt gctctcagaa tcgctgccgc catggctagt 120
cagtctcagg ggattcagca gctgctgcag gccgagaagc gggcagccga gaaggtgtcc 180
gaggcccgca aaagaaagaa ccggaggctg aagcaggcca aagaagaagc tcaggctgaa 240
attgaacagt accgcctgca gagggagaaa gaattcaagg ccaaggaagc tgcggcattg 300

```

```

ggatcccgtg gcagttgcag cactgaagtg gagaaggaga cccaggagaa gatgaccatc 360
ctccagacat acttccggca gaacagggat gaagtcttgg acaacctctt ggcttttgtc 420
tgtgacattc ggccagaaat ccatgaaaac taccgcataa atggatagaa gagagaagca 480
cctgtgctgt ggagtggcat tttagatgcc ctcacgaata tgaagcttag cacagctcta 540
gttacattct tatgatatgg cattaaatta tttccatata ttatataata ggctcctcca 600
ctttttggag agtagcaaat cttagctttt tgtacagact tagaaattat ctaaagattt 660
catcttttta cctcatattt ctttaggaatt taatggttat atgttgtctt ttttctctat 720
gtcttttggc tcaagcaaca tgtatatcag tgttgacttt ttctttctta gatctagttt 780
aaaaaaaaaa aaaaccacat aacaattctt tgaagaaagg aagggattaa ataatttttt 840
tccctaacac tttcttgaag gtcaggggct ttatctatga aaaagtagta aatagttctt 900
tgtaacctgt gtgaagcagc agccagcctt aaagtagtcc attcttgcta atggtttaga 960
cagtgaatac tagtggaatt gtttgggctg cttttagttt ctcttaatca aaattactag 1020
atgatagaat tcaagaactt gttacatgta ttacttggtg tatcgataat catttaaaag 1080
tnaagactct gtcagcaaaa ttttaacccca tatttttttt tttttttttt tttttttttt 1140
cagtgggtct tcatttga tcttgcgaaa tgcattctga cccagatggt ctgcagaact 1200
tcacttagga cattagcaca caaatagcac acatatctt

```

1239

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:52 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 966 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 52:

```

gccctgagga ccctagtcca acatggcggc gccagcgga ggggtggaacg gcgtcggcgc 60
gagcttgtag gccgcgtgc tcctaggggc cgtggcgctg aggccggcgg aggcggtgtc 120
cgagcccacg acggtggcgt ttgacgtgcg gccggcggc gtcgtgcatt ccttctccca 180
taacgtgggc ccggggggaca aatatactgt tatgttact tacgcctctc aaggagggac 240
caatgagcaa tggcagatga gtctggggac cagcgaagac caccagcact tcacctgcac 300
catctggagg cccagggga agtcctatct gtacttcaca cagttcaagg cagaggtgcg 360
ggcgctgag attgagtacg ccatggccta ctctaaagcc gcatttgaaa gggaaagtga 420
tgtcccctcg aaaactgagg aatttgaagt gacaaaaca gcagtggctc acaggcccgg 480
ggcattcaaa gctgagctgt ccaagctggg gattgtggcc aaggcatcgc gcactgagct 540
gtgaccagca gccctgttgc ggggtggcacc ttctcatctc cgggtgaagct gaaggggcct 600

```

```

gtgtccctga aagggcagca catcactggt tttctaggag ggactcttaa gttttctacc 660
tgggctgacg ttgccttgct cggaggggct tgcaggggtg ctgaagccct ggggcagaga 720
acagagggtc cagggccctc ctggctccca acagcttctc agttccctact tcctgctgag 780
ctctttctgga ctcaggatcg cagatccggg ggcacaaaga ggggtggggaa caagtggggg 840
ctatttttgg ggaaaaaac ccatgggtcc cctaactttg agccggggag tgctttaatt 900
gggcttgaaa ccttttttcc cggtttttcc ccagggggcc gtccttttaa attaaacttg 960
agaaag

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 53:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 556 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:53 :

```

taaagctgcg gcggcgggtc gcgtttctcg tgtccgcttg actgacagct ggcgcggcggg 60
agcgggcggc gcgagcggga ggcggcggcg cagagcttgg ggcttccttg gtgcaccca 120
ccacctgctt gccactggt cagccttcag ggacctgag caccgcctgg tctctttcct 180
gtggccagcc cagaactgaa gcgctgcggc atggcgcgcg cctgcctcca ggccgtcaag 240
tacctcatgt tcgcttcaa cctgctcttc tggtgggag gctgtggcgt gctgggtgtc 300
ggcatctggc tggccgccac acaggggagc ttgccacgc tgctctcttc ctcccgctcc 360
ctgtcggctg ccaacctgct catcatcacc ggcgcctttg tcatggccat cggcttcgtg 420
ggctgcctgg gtgccatcaa ggagaacaag tgcctcctgc tcactttctt ccggtgctgc 480
tggttgagg ccaccatcgc catcctcttc ttgcctaca cggacaagat tgacaggtat 540
gccagcaag acctga

```

556

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:54 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1349 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vi) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:54 :

```

cgggggagtg aggagaaaagg gggggccttgg cggccggagg aggagtaggt gcgggtgaag 60
atggcggcag ccgaggccgc gaactgcatc atggaggtgt cctgtggcca gccggaaaagc 120
agtgagaagc ccaacgctga ggacatgaca tccaaagatt actactttga ctctacgca 180
cactttggca tccacgagga gatgctgaag gacgaggtgc gcaccctcac ttaccgcaac 240
tccatgtttc ataaccggca cctcttcaag gacaagggtg tgctggacgt cggctcgggc 300
accggcatcc tctgcatgtt tgctgccaag gccggggccc gcaagggtcat cgggatcgag 360
tggtccagta tctctgatta tgcggtgaag atcgtcaaag ccaacaagtt agaccacgtg 420
gtgaccatca tcaaggggaa ggtggaggag gtggagctcc cagtggagaa ggtggacatc 480
atcatcagcg agtggatggg ctactgcctc ttctacgagt ccatgctcaa caccgtgctc 540
tatgcccggg acaagtggct ggcgcccgat ggcctcatct tcccagaccg ggccacgctg 600
tatgtgacgg ccatcgagga ccggcagtac aaagactaca agatccactg gtgggagaac 660
gtgtatggct tggacatgtc ttgcatcaaa gatgtggcca ttaaggagcc cctagtggat 720
gtcgtggacc ccaaacagct ggtcaccaac gcctgcctca taaaggaggt ggacatctat 780
accgtcaagg tggaaagcct gaccttcacc tcccgttct gcctgcaagt gaagcggaat 840
gactacgtgc acgcccgtgt ggcctacttc aacatcgagt tcacacgctg ccacaagagg 900
accggcttct ccaccagccc cgagtccccg tacacgcact ggaagcagac ggtgttctac 960
atggaggact acctgaccgt gaagacgggc gaggagatct tcggcaccat cggcatgcgg 1020
cccaacgcca agaacaaccg ggacctggac ttcaccatcg acctggactt caagggccag 1080
ctgtgcgagc tgtcctgctc caccgactac cggatgcgct gaggcccggc tctcccggcc 1140
tgcacgagcc caggggctga gcgttcctag gcggtttcgg ggctccccct tctctccct 1200
ccctcccga gaagggggtt ttaggggcct gggctggggg gatggggagg gcacatcg 1260
actgtgtttt tcataactta tgtttttata tggttgcatt tacgccaata aatcctcagc 1320
tggggaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaagga

```

1349

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 55:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2021 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(viii) SEQUENZ-BESCHREIBUNG, SEQ ID NO:56

```

ctctgtctca aaagagaaaa aaaaagaaaa gtaaccttca gagattctta gaagagttgc 60
tcattcacac ccacgccctt gcccaaggct ggcccactta gagcgaaact taacttttgt 120
ctggatggga agagaagtaa gtctaccccg aggttgccat gttgaagagt gagaggtcca 180
agtgattctg tgcattgaaa ccaagacacc ccaccagaa cacttcttcc ctccctcagc 240
ccaaacaaaa ggctgggggtt ctcatctcca agtggctgtt ctccaacttt cccaagccgc 300
ttgcattccc cagactggac tactgtggcg gttaggttag atttgaagac ggggcccagg 360
ctgggtatga acgggtgcag ccctcttctc ctcttcccc ccacatctct catgagagag 420
gtagtggcat ttccttctca gggagcttca atgggaaagg tctcgaaagc ttcaggagga 480
gcagaatacc aacgcagggg gatggctgta acgatctcac cgtctcctaa cctcagtcct 540
ttttttgaga gtgaatgggg gaggtggga agggaccagc atttgtagat ctctttgtct 600
gggggagggg aaggatgtgg tttgcagagc ggaagcagag tttggaaacg catgagagca 660
gagcttcgtg tgttcccacc ctcaagtggg aggtgtgagt gggtagcat gtggagttgg 720
gtgttcccac cctcagtggg gaggtgtgag tgggggtgca tatagaggca gtgcctgctg 780
tggggtcaca actggtgcat gccagcgcca aagggacctg tctttagggg tcatttcagc 840
cagctcctcc catcacagat gacagctcca agcctagaag gggctcagtg acagggccag 900
gacaagccct caggactgtg gcctcctggc ccttggttcc cctgcccacg aacatggtct 960
ggacatgggt ggctggctgg ctgtccctgt gtgtgtgtga cacacggtgt gaggtcaggg 1020
ctgtgccccg ggtgggaggg tgtctatgtg gcactgactg tcttagctca gagctgggtg 1080
atcctctcca tggacaatga cactttaagg attgtcttgg tttgttttcc ctatttgggt 1140
ggtattttcc cctcaggct cctgggtctg ctgctgcctc aagggtgcct gaccttgagg 1200
ctgatgaggg gacccctgcc tgtttcccc atactgagtt ctagggaggt gctcacccca 1260
gactcttagg aagggtctag agaaatgaga ggagcccaag ccaggggcca gctccgagaa 1320
agggtaacct ccacgcttct ctctcccaaa ttggaaatga agacaggttt tcaaaggcac 1380
aggctcccc tgccagcttc taggatcttc cttggtgtgc aatgggccag ttaggggtag 1440
gcagcttgca ccagttctc ctttatctca acttattttc ctggggagag gtgcctagag 1500
ggattgaggt aacttcaact gggaattcca aggaaggtgg gcaagtagcc ttggctctct 1560
cccaccatgt ccatcaggat tgagagtgtg tctagctccc gaccactttg tcttgacctt 1620
ctgaaaagtt gggaactgag ggtgccttc attccctttt gttcactttc tccagctcaal 1680
cttgggactt ggggtgtggg actggagacc tcacccctgc tcccgtcccg ccccttttct 1740
atcccaacct gtttccatgt agcagacct tcctaggagg cagggagggg aagccacaga 1800
ttgcaaaccc aggggtcct ttttcattct ttctaaaacc ttgatctcct cagcccaaag 1860
gcgatcccc cctgccacct ccaagcctgg aattgtgcat aaccggatc ttgtatcttt 1920
gtataacgga tgttatttgt acgaagggca gttcgtaaac agcacttgtt cttttaataal 1980
aagaatgttt tgcaaaaaaa aaaaaaaaaa tccgaaaaaa a

```

2021

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:56 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 900 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ...

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:56 :

```

gcgaccgcct ctactggaag tttagaccctg tgaagggtgaa ggctctggaa ggcttcccc 60
gtctcgtggg tcttgacttc tttagctgtg cgagcctgcc aacactttcc tctgaccatg 120
gcttgatgac cctcaggggt gctgaccct gccaggccac gaatatcagg ctagagaccc 180
atggccatct ttgtggctgt gggcaccagg catgggactg agcccatgtc tctcagggg 240
gatggggtgg ggtacaacca ccatgacaac tgccgggagg gccacgcagg tctggtcac 300
ctgccagcga ctgtctcaga ctgggcaggg aggttttggc atgacttaag aggaaggcca 360
gtcttggggc cgctatgcag gtcttgcaa acctggctgc cctgtctcca tccctgtccc 420
tcagggtagc accatggcag gactggggga actggagtgt ccttgcctga tccctgttgt 480
gaggttactt ccaggggctg gcactgaagc aagggtgctg gggcctatg gccctagcc 540
ctggctgagc aactgggctg tagggcaggg ccacttcctg aggtcaggtc ttggtaggtg 600
cctgcattct tctgccttct ggctgacaat cctggaaatc tgttctccag aatccaggcc 660
aaaaagttca cagtcaaagt gggagggtta ttcttcatgc aggagacccc aggccttggg 720
ggctgcaaca tacctcaatc ctgtcccagg ccggatcctc ctgaagccct tttcgagca 780
ctgctatcct ccaaagccat tgtaaattgt tgtacagtgt gtataaacct tcttcttctt 840
ttttttttt aaactgagga ttgtcattaa acacagtgtt tttctaaaaa aaaaaaaaaa 900

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 57:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1212 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:57 :

```

ggcggggcct gcgggcgga cgcggccgaa gccgcacggg agacgacgag gaggagccgg 60
aagatgcgga cgaggcgga gttccccgtg atctccgtgg tggggtacac caactgcgga 120
aagaccacgc tgatcaaggc actgacgggc gatgccgcca tccagccacg ggaccagctc 180
tctgcccacyc tygacgtcac ggcccacgug gggggccttc cctcacgcat gaccgtcctg 240
tacgtggaca ccatcggctt cctctcccag ctgcgcacg gcctcatcga gtccttctcc 300
gccaccctgg aagacgtggc cactcggat ctcactcttc acgtgaggga cgtcagccac 360
cccgaggcgg agtccagaaa tgcagcgttc tgtccacgct gcgtggcctg cagctgcccg 420
ccccgtcctt ggactccatg gtggagggtt acaacaagggt ggacctcgtg cccgggtaca 480
gcccacgga accgaacgtc gtgcccgtgt ctgccctgcg gggccacggg ctccaggagc 540
tgaaagctga gctcgatgcg gcggttttga aggcgacggg gagacagatc ctcactctcc 600
gtgtgaggct cgcaggggcg cagtcagctg gctgtataag gaggccacag ttcaggaggt 660
ggacgtgatc cctgaggacg gggcggccga cgtgagggtc atcatcagca actcagccta 720
cggcaaatc cgggaagctc tccaggatg aacggacgcc cacagaggcc tgcggggtgg 780
gggcatcgct gcctggggag ctgaggcggt accgctgtgt tgggggcagc ttggtgtcag 840
gtgcagcagg gtcctccttg tctggttctg caccctctc gctcccagcc atttgcagg 900
atgaccgtgc aggcgggtga cagggccgca cctgccccaa agcggggccg cagagcgctc 960
actccaagcc tgagcatcca cacaattcca gtgggccctc ggtgcctgct gtgaactgct 1020
ttccctcgga atgtttccgt aacaggacat taaacctttg attttacttc agtgaaaaaa 1080
aaatccagtt cctcctgcac ctgccgtgag ccgtggcctg gtggcaccga cggccccctc 1140
gcccggctgt ctgtgttcac agatgggtctc ggtttcccat ggtggtgtcg gggaaatgac 1200
gaaaaatcag gt

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 58:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 494 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:58 :

```
ctccctaggt acaaatagcc ctgggctctg cagctccaca ggctcctggg gtggagtcca 60
aatcactcat tgtttgtaga agctgagctc acagcaaaac aagccaccat gaagctgtcg 120
gtgtgtctcc tgctggtcac gctggccctc tgctgctacc aggccaatgc cgagttctgc 180
ccagctcttg tttctgagct gttagacttc ttcttcatta gtgaacctct gttcaagtta 240
agtcttgcca aatttgatgc cctccggaa gctgttgag ccaagttagg agtgaagaga 300
tgcacggatc agatgtccct tcagaaacga agcctcattg cggaagtcct ggtgaaaata 360
ttgaagaaat gtagtggtg acatgtaaaa actttcatcc tggtttccag tgtctttcaa 420
ctggtctcca gtttcactg cagaatgtaa aggtttcaac gtcttgcttt aataaatttc 480
ttgctctcca gtc
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 59:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 729 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:59 :

```
tttttttccct tgggaagcag gagtttatct ttatcctttt gtaagtatta actcggtaat 60
cacaacaaac acggagcaat ctcaatgctg tttatccgga ggacagtctg cggggtcgtg 120
acgattcttt tcttcttgaa gtttttcctt ttctgaatc tcataatgat tcttggccat 180
gattctgtct tttcaatgac tgtggcttct actcgaacaa gatcctttcc gaggagtggc 240
ttgccaagca gcgtagaagt gtctgcccc accagcagga ccttctccag tcgaattctc 300
tctccacacg caaggtctag ttcatctcca attaagatca ggtcttcaga ggtcaccttc 360
cactggcggc tggcaaagtg caccacggca aagagcctgc catactgcc cgtgacgatc 420
atctcattca ccttcttcac gacctctgca tgggtgtctg tctcctcaac tgggtctggc 480
agaacaactt ctggccaagg tggtagaact agggatgttt taggaacata tcctggtaga 540
tatgaagtgc tctgtgaatt gaaccttcca gaagcagacc aaagggaggc tgctccgggc 600
cccgaaggtc tcaggatgct gtggctgcac gcggacgcca gccgccctaa ggtgaccgtc 660
```

aggggaagatg ctgccatggc cgccgccatc ttcccgccgc ctcggccgga aacggaaacg 720
acgcgaacc 729

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:61 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1315 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:61 :

cagaggctct	tttttaaadc	ttggggaaat	catacccact	gaggaataga	ggccagggca	60
gatcaggcct	gcgtggattg	tgggtcagct	agggaaagcag	aaggagggaag	acgctggaat	120
cattgtcagg	actgagaata	tgggtgtgagt	tgctttttgag	ggtggccatg	tgagcacctt	180
ggccagatta	atctctttcc	cccctccatg	atggtggcag	gggcaggagc	tgacttcgtg	240
atgctgggtg	gcatgctggc	tgggcacagt	gagtcagggtg	gtgagctcat	cgagagggat	300
ggcaagaagt	acaagctctt	ctatggaatg	agttctgaaa	tggccatgaa	gaagtatgct	360
gggggcgtgg	ctgagtacag	gtatgtgtgg	aggcccagga	gcttagtaat	agtatggagg	420
cagaactcat	ggctgctgag	agggggatgg	tacagttctc	agagaagcat	ggtgaaccgg	480
ggctcaatgc	tagggtctgt	ggaaaagtcc	ctgggcttaa	ggaatccaga	aggagaagat	540
aataaagttt	ttcctacttt	aagagcctca	gagggaaaga	cagtgggaagt	tcctttttaa	600
ggagatgtgg	aacataccat	ccgagacatc	ctaggaggga	tccgctctac	gtgtacctat	660
gtgggagcag	ctaagctcaa	agagttgagc	aggagaacta	ccttcatccg	agtcacccag	720
cagggtgaatc	caatcttcag	tgaggcgtgc	tagacctgag	cagttctacc	ctcccaaggc	780
accagtactc	taccatgggg	catcccaagt	ggggctctca	cccatcccag	ctactgcagc	840
tctgtattac	tttgtcattt	cctgttgtct	cactcctgag	ggctcctgca	gtaactctgt	900
acttctctat	ctgcacacac	aaaatgcccc	aggcactcac	tggggaggaa	gcaaggaagc	960
aaacagtctg	agaaaatgat	gcaagaaaat	caaatgggaa	tctggggacc	caacacaaca	1020
tcctgaagat	tattaaaagg	aaaagatgct	gatttggtaca	taaatctttt	acatggcctt	1080
ggtctagagg	aggcaggctt	ttagaatcat	gtttttgttaa	tccgcttcac	taaatgggac	1140
cttcacatat	ctaaaaagct	ctgaagtgtt	tgtatatattg	aaatacctca	ataaagagag	1200
agctcattga	ctgtaaaaaa	aaaaaaaaaa	aattctgtac	aaggctagca	tctgggtgct	1260
gctgcagagt	gggtggtggt	agggtcagca	ctgaccacgt	gggtcaaga	acaat	1315

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 62:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2011 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:62 :

```

tagaatattc atgtgagttc attcctccct gctgagattg ttcagctcct ccttccctgc 60
tataccgact ggacttgaac actaagtott caatagctga gattctccat cttaatctac 120
ttggaggcaa gagcagattg gttgtttcat tatggatgga ggggatgatg gtaaccttat 180
tatcaaaaag aggtttgtgt ctgaggcaga actagatgaa cggcgcacaaa ggaggcaaga 240
agaatgggag aaagttcgaa aacctgaaga tccagaagaa tgtccagagg aggtttatga 300
ccctcgatct ctatatgaaa ggctacagga acagaaggac aggaagcagc aggagtacga 360
ggaacagttc aaattcaaaa acatggtaag aggcttagat gaagatgaga ccaacttcct 420
tgatgaggtt tctcgacagc aggaactaat agaaaagcaa cgaagagaag aagaactgaa 480
agaactgaag gaatacagaa ataacctcaa gaaggttgga atttctcaag agaacaagaa 540
ggaagtggaa aagaaactga ctgtgaagcc tatagaaacc aagaacaagt tctcccaggc 600
gaagtgttgg caggagctgt gaagcataag agctcagaga gtggcaacag tgtgaaaaga 660
ctgaaaccgg accctgagcc agatgacaag aatcaagagc cctcatcctg caagtctctc 720
ggaaacacct ccctgagtg gcccctccat cactgcccct ctgctgcagt atgtatcggc 780
atcctcccag gcctgggtgc ctactctggg agcagcgact ccgagtccag ctgagacagc 840
gaaggcacca tcaatgccac cggaaagatt gtctcctcca tcttccgaac caacaccttc 900
ctcgaggccc cctagtttct ccgtccctac acagggagct cctccccaag ggtagatcgg 960
accgttcatg ctgcctatag gcattatgtc cctcaaaaaa aaactccttt gcctgcatcc1020
tgtgtacaac atgacatttt taaccaatcc aatctaaaaa tgtgccagaa tccacctgtg1080
gcccgaatcg tgtttggttc ctctttctac tccactgcag atgaccaaac ctgtcccgtt1140
gccactttcc tcaactgatat tgggaggagg gcaaggccca gccgaagttc cactaaaaat1200
gccccaggag aataggcacc ggctggcttg ccaaagggtt tgggttttat tgctttctgt1260
tttttctttt cccgacagca caaagaagta agggcagtta ttggacaggt gttatttaaa1320
cattctattg taaatgaatg tgttgtttgg ttctactgca ttgtggagca tgcgggggaa1380
gagaactgac ccaggtaatg aaatggagcc cttccctgga actaaccagt ccttgatgtt1440
gtgtgactaa gtaaagatga taaaccccat ctgctggggg tgtcacttca cactcggcat1500
gcattgtgaa agctttccat acccttggcc attccctctc tcctctctct ccaaccccat1560

```

```

ttatgcagga agggactgct aacaagaacg cttccatctc aaaccttttc tctgcctggg1620
aaattatttt atgtttgttt ttgaaataaa ggatttagtt taagattcta aatttttagag1680
aaacaaacgt aggccttggt tactaatagc cagacatcag aactgcaggt aggtatgtta1740
atgagatgac ttatttctgg cagctcctgg aatcctaata ttgtaaatga gtgggacaca1800
cttgcatatt gtgaccattc tattgaggcc cttctctggt taatgcatat tatacttgtg1860
cttttaactg tggaatctat ttctaacctt aaggtgctgc cctagtactt ttcttttgct1920
gcctctgctg ctctttttcc ttttccaaac agcaaaactc gaggccatga gcagccaaaa1980
actagaggta ctgctccacc tcgtctcata a
2011

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:63 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

ADVANCE 2000 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:63 :

```

aggggggata gaaggacag gggatcgaga aagagagaaa gaaaatgaga gaggtagaag 60
acgagatcgt gactatgata aggaaagagg aaatgaacga gaaaagaaaag gtccaaggaa 120
cagagaagta ggggagaggt agaagagaaag aaacataaaag aagacaaaaga tgataggcgg 180
cacagagatg acaaaagaga ttccaagaaa gagaaaaaac acagtagaag cagaagcaga 240
gaaaggaaac acagaagtag gagtcgaagt agaaatgcag ggaaacgaag tagaagtaga 300
agcaaagaga aatcaagtaa acataaaaat gaaagtaaag aaaaatcaaa taaacgaagt 360
cgaagtggca gtcaagggaag aactgacagt gttgaaaaat caaaaaaacg ggaacatagt 420
cccagcaaag aaaaatctag aaagcgtagt agaagcaaag aacgttccca caaacgagat 480
cacagtgata gtaaggacca gtcagacaaa catgatcgtc gaaggagcca aagtatagaa 540
caagagagcc aagaaaaaca gcataaaaac aaagatgaga ctgtgtgaaa atattttgta 600
aaagtggatc acattgaatc ctataaatga ttaaatctgc ttttttcccc cacgttgaga 660
ttgtgcagta gttcgcactc ctcaagctct ccctgtaggc tgcattttca tttcctcttt 720
cgtgtaggga agtgcctttg taattccatt tattgcattg gtgttttcac ccaattgtta 780
agtttgatac atgatgcaca gattgttctt gcatttttat tgtttgtttt tgaaatgtac 840
agtctgtaca tatgtcctga aaatgtttta attcctttgg catggttgcc atgttggtta 900
aatttgata aggcaataaa ctgccactaa tctatttttg ttttgtaggt gtgggattat 960
ggtttgtgta ctgaagttag catggctgtg cttttcgtaa tagaatgcta aagactttga1020
gaatggatct tggatgtcta ttataggaga agtatgtgct gccaatgtac aagaaggcag1080
cattgtagga ttaacattct tgtctactgt atattatctt ggaaggctct tggttaatatg1140

```

```

ttacacttaa tattctccac agttaccttt agagagaatt tatgagaagt tagtttctga1200
tgcagagggt tttaggctgt gatttcatca aaagtccttt tagcattcta cctcaaagg1260
acacttagta tgcctaaaat ttattcactt agttttcctt ttttatttga aaaaatacat1320
gacatgtaat ctttttttct tgaattcttt ctcagatttt aaagtactat attaaagaaa1380
aaaattaatg tctaaagcct agcattcttg cagaacccta tactaacatg taatggggag1440
aggggtggggc agatgagtag agaaacagat tcaagcctca agcttccaaa gcatttttat1500
aaatggaaaa tccttaaatt atgaaacagc ttgatatagt gtcctttttt taaaattcag1560
aacttttttt attgataatg gagattgctg tttgagtttt taaacttaat ctagaacaga1620
ggagtattaa aagtaatgct gtgctgcatt atttaagact atcagcaaat ttttgatag1680
attgttctta caacttgat tctgattaca gaaccatcat gagtggtgaa taaatactgg1740
attaaatcct ttatcctggg tcttggtctt tccccattt gttaaatttt tttagcatat1800
ttatattgtg gaaattgatg aaacgtcagt agagtcacac tttgtgtaca gggatgtctt1860
agtgcccgaga tgacaagtga attttgagaa aatgcataga ctgggattgg gcattgtgtg1920
atcaataatc tttattagaa tacttgataa tggcaatttc ctttctcag1980
tgagtcac gattactttg ttccatgtc

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:64 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2269 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:64 :

```

gcctggccct tgcagagaag gccagctggt tgggggaaca gccccagttc tggtcgaaga 60
gcaggttctg gactggatca gctaccaagt ggagaagaac aagtagcagc caagcgccat 120
tgacttctca cgatgtgaca tggatggcgc caccctctgc aattgtgccc ttgaggagct 180
gcgtctggtc tttgggcctc tgggggacca actccatgcc cagctgagag acctcacttc 240
cagctcttct gatgagctca gttggatcat tgagctgctg gagaaggatg gcattggcctt 300
ccaggaggcc ctgagcccag ggccctttga ccagggcagc ccctttgccc aggagctgct 360
ggacgacggt cagcaagcca gcccctacca ccccggcagc tgtggcgagc gagccccctc 420
ccctggcagc tctgacgtct ccaccgcagg actggtgctt ctcgagctc ccactcctca 480
gactccggtg gaagtgcagt ggacctggat cccactgatg gcaagctctt cccagcgat 540
ggttttcgtg actgcaagaa ggggatccc aagcacggga agcggaacg aggccggccc 600
cgaaagctga gcaaaagata ctgggactgt ctcgagggca agaagagcaa gcacgcgccc 660

```

```

agaggcacc accgtgtgga gttcatccgg gacatcctca tccaccggga gctcaacgag 720
ggcctcatga agtggggagaa tcggcatgaa ggcgtcttca agttcctgag ctccgagggt 780
gtggcccaac tatggggcca aaagaaaaag aacagcaaca tgacctacga gaagctgagc 840
cgggcatga ggtactacta caaacgggag atcctggaac ggggtggatgg ccggcgactc 900
gtctacaagt ttggcaaaaa ctcaagcggc tggaaggagg aagaggttct ccagagtcgg 960
aactgagggg ttggaactata cccgggacca aactcacgga ccactcgagg cctgcaaacc1020
ttcctgggag gacaggcagg ccagatggcc cctccactgg ggaatgctcc cagctgtgct1080
gtggagagaa gctgatgttt tgggtgtattg tcagccatcg tcctgggact cggagactat1140
ggcctcgctt cccaccctc ctcttggaa tacaagccct ggggtttgaa gctgacttta1200
tagctgcaag tgtatctcct tttatctggt gcctcctcaa acccagtctc agacactaaa1260
tgcagacaac accttcctcc tgcagacacc tggactgagc caaggaggcc tggggaggcc1320
ctaggggagc accgtgatgg agaggacaga gcaggggctc cagcaccttc tttctggact1380
ggcgttcacc tccctgctca gtgcttgggc tccacgggca ggggtcagag cactcccta1440
tttatgtgct atataaatat ttcagatgta catagatcct tttttttctt aaagccttgg1500
cctccccact cctctccac agagtgtggt actgttccag cccctccagt gggctgatgc1560
tgggaccctt aggatggggc tcccagctcc tttctcctgt gaatggaggc agagacctcc1620
aataaagtgc cttctgggct ttttctaacc tttgtcttag ctacctgtgt actgaaattt1680
gggccttttg atcgaatatg gtcaagaggt tggaggggag gaaaatgaag gtctaccagg1740
ctgaggggtg gggcaaggc tgacgaagag gggagttaca gatttcctgt agcagggtgt1800
ggcttacaga cacatggact gggctgggag gcgagcaaag gaagcagctg agactgttg1860
agaacgctta caagacttca tgcaagcaag gacatgaact cagaacactg aggtcagaag1920
catcctgctg tcatgacacc gctcgagtga ccttgacctt gaccaagtct gtccgtgtta1980
ggactgattt ttctatttag gctagggttt ggacctgatg ttctcaagat gtctagaatt2040
gcatggctgg ccttgtggaa tagatgggtt tgcattccag ccaagtgtgc tgtaaaactgt2100
atatctgtaa tatgaatccc agcttttgag tctgacaaaa tcagagttag gatcttgtaa2160
aggtggagat gagtacttgc tgagaaagaa tgggggaagg agttggcatt tgttgaaagt2220
atagtctttt tctctggggt tttttaattg caacttttac ttttagattt 2269

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:65 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1874 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:65 :


```

caaaaaaacc tcttaatat ctggagtcac cattcccttc gacagcattt tcctctgctt 60
tgaaagcccc agaaatcagt gttggccatg atgacaacta cagaaaaacc agaggcagct 120
tctttgcaa gacctttcaa agccatttta ggctgttagg ggcagtggag gtagaatgac 180
tccttgggta ttagagtttc aaccatgaag tctctaaca tgtattttct tcacctctgc 240
tactcaagta gcattttactg tgtctttggg ttgtgctagg ccccggggtg tgaagcacag 300
accctttcca ggggtttaca gtctatttga gactcctcag ttcttgccac tttttttttt 360
aatctccacc agtcattttt cagacctttt aactcctcaa ttccaacact gatttcccct 420
tttgcatctt cctcctttcc ctctcttgta gccttttgac tttcattgga aattaggatg 480
taaactctgt caggagacct ggaggagcag aggataatta gcatctcagg ttaagtgtga 540
gtaactctgag aaacaatgac taattcttgc atattttgta acttccatgt gagggttttc 600
agcattgata tttgtgcatt ttctaaacag agatgagggtg gtatcttcac gtagaacatt 660
ggtattcgtc tgagaaaaaa agaatagttg aacctatttc tctttcttta caagatgggt 720
ccaggattcc tcttttctct gccataaatg attaatataa tagcttttgt gtcttacatt 780
ggtagccagc cagccaaggc tctgtttatg cttttggggg gctatatttg gcttctctcc 840
tcacatttca cacaacata tccgtatata tccccctctac tcttacttcc ccttctctca 900
aagaagtatg ggaaatgaga ggcatttccc ccaccccat tctctcctca cacacagact 960
catattactg gtaggaactt gagaacttta tttccaagtt gttcaaacat ttaccaatcal1020
tattaatata atgatgctat ttgcaattcc tgctcctagg ggaggggaga taagaaaccc1080
tcactctcta caggtttggg tacaagtggc aacctgcttc catggccgtg tagaagcatg1140
gtgccctggc ttctctgagg aagctggggt tcatgacaat ggcagatgta aagttattct1200
tgaagtcaga ttgaggctgg gagacagccg tagtagatgt tctactttgt tctgtgttc1260
tctagaaaga atatttggtt ttctgtata ggaatgagat taattccttt ccaggtattt1320
tataattctg ggaagcaaaa cccatgcctc cccctagcca tttttactgt tctcctattt1380
agatggccat gaagaggatg ctgtgaaatt cccaacaaac attgatgctg acagtcatgc1440
agtctgggag tggggaagtg atcttttggt cccatcctct tcttttagca gtaaaatagc1500
tgagggaaaa gggagggaaa aggaagtatt ggggaatacct gtggtggttg tgatccctag1560
gtcttgggag ctcttgaggg tgtctgtatc agtggaattc ccatcccctg tgggaaatta1620
gtaggtcat ttactgtttt aggtctagcc tatgtggatt ttttcctaac atacctaagc1680
aaaccagtg tcaggatggt aattcttatt ctttcgttca gttaagtttt tccctcatc1740
tgggcactga aggatatgt gaaacaatgt taacattttt ggtagtcttc aaccagggat1800
tgtttctgtt taacttctta taggaaagct tgagtaaaat aaatattgtc tttttgtatg1860
tcaaaaaaaa aaaa

```

1074

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:66 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 687 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:66 :

```

gggccaagtg cccagtcag gagctgccta taaatgccga gcctgcacag ctctggcaaa 60
cactctgtgg ggctcctcgg ctttgacaga gtgcaagacg atgacttgca aaatgtcgca 120
gctggaacgc aacatagaga ccatcatcaa caccttccac caatactctg tgaagctggg 180
gcacccagac accctgaacc agggggaatt caaagagctg gtgcgaaaag atctgcaaaa 240
ttttctcaag aaggagaata agaatgaaaa ggtcatagaa cacatcatgg aggacctgga 300
cacaaatgca gacaagcagc tgagcttcga ggagttcatc atgctgatgg cgaggctaac 360
ctgggcctcc cacgagaaga tgcacgaggg tgacgagggc cctggccacc accataagcc 420
aggcctcggg gagggcaccc cctaagacca cagtggccaa gatcacagtg gccacggcca 480
ggccaatagc cactggtggc acggccacag ggaagtcgca ggaggccagg ccaccctgcc 540
tctacccaac cagggccccg gggcctgtta tgtcgaactg tcttggtgtg ggggctaggg 600
gctggggcca aataaagtct ctctctccaa gtcagtgtc tgtgtgcttc tccaccttt 660
ctgcaagcct gcctttccag ggtgtg 687

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 67:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1528 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:67 :

```

gagcaacgct ggagcatccc gctctggtgc cgctgcagcc ggcagagatg gttgagctca 60
tgttcccgcgt gttgctcctc cttctgccct tccttctgta tatggctgcg ccccaaataca 120
ggaaaatgct gtccagtggg gtgtgtacat caactgttca gcttcctggg aaagtagttg 180
tggtcacagg agctaataca ggtatcggga aggagacagc caaagagctg gctcagagag 240
gagctcgagt atatttagct tgccgggatg tggaaaaggg ggaattggtg gccaaagaga 300
tccagaccac gacaggggaa cagcaggtgt tgggtgcggaa actggacctg tctgatacta 360
agtctattcg agcttttgct aagggtctct tagctgagga aaagcacctc cacgttttga 420
tcaacaatgc aggagtgatg atgtgtccgt actcgaagac agcagatggc tttgagatgc 480
acataggagt caaccacttg ggtcacttcc tcctaaccba tctgctgcta gagaaactaa 540

```

```

aggaatcagc cccatcaagg atagtaaagt tgtcttcctt cgcacatcac ctgggaagga 600
tccacttcca taacctgcag ggcgagaaat tctacaatgc aggcctggcc tactgtcaca 660
gcaagctagc caacatcctc ttcacccagg aactggcccg gagactaaaa ggctctggcg 720
ttacgacgta ttctgtacac cctggcacag tccaatctga actggttcgg cactcatctt 780
tcatgagatg gatgtggtgg cttttctcct ttttcatcaa gactcctcag cagggagccc 840
agaccagcct gcactgtgcc ttaacagaag gtcttgagat tctaagtggg aatcatttca 900
gtgactgtca tgtggcatgg gtctctgccc aagctcgtaa tgagactata gcaaggcggc 960
tgtgggacgt cagttgtgac ctgctgggcc tcccaataga ctaacaggca gtgccagttg1020
gacccaagag aagactgcag cagactacac agtacttctt gtcaaaatga ttctccttca1080
aggttttcaa aaccttttagc acaaagagag caaaaccttc cagccttgcc tgcttggtgt1140
ccagttaaaa ctcatgttac tgccagattc gtctaaatgt ctgtcatgtc cagatttact1200
ttgcttctgt tactgccaga gttactagag atatcataat aggataagaa gaccctcata1260
tgacctgcac agtctatctt ccttctgaaa gaaactacta cctaggagaa tctaagctat1320
agcagggatg atttatgcaa atttgaacta gtttctttgt tcaaatcca1380
accaaccagt ccttctgcaa agagggccac actgcaacct cagcttaaca tgaataaca1440
agactggctc aggaagcagg cttgccaagg catggtggat caccggagtc aagtagttca1500
agaccagcct ggccaacatg gtgaaacc

```

1528

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 71 :

(A) LÄNGE: 212 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 71

```

RDTVVGDGTE RSVTASRSA PRPWSQTDSD DSDSEGGAAG GEADMDFLRN LFSQTLISLGS 60
QKERLLDELT LEGVARYMQS ERCRRVICLV GAGISTSAGI PDFRSPSTGL YDNLEKYHLP 120
YPEAIFEISY FKKHPEPFFA LAKELYPGQF KPTICHYFMR LLKDKGLLLR CYTONIDTLE 180
RIAGLEQEDL VEAHGTFYTS HCVRPSAGTN TR

```

212

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 72:

(A) LÄNGE: 29 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 72

SLNTAFSNVL HKNRILATQL LSLSVIILP

29

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 72:

(A) LÄNGE: 71 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 73

QSQNDFTTDS LESLGAEFRK IPTSMKAKRS TKPSSCPRRY ESAHPSMATT STQPLVRKPW 60
ATSLKTQTKN H 71

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 74:

(A) LÄNGE: 44 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 74

SNLVYVLSLH FPFVSFYLKG RPRSVLSYCH IGSKMSTHSL APNH

44

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 75:

- (A) LÄNGE: 30 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 75

ATSFMSYLCI FLYSAIFLKE GPGLYYPTAT

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 76:

- (A) LÄNGE: 113 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 76

IPEDPHIDES KAKHQAIIMS TSLRVSPSIH GYHFDASRK KAVGNIFENT DQESLERLFR 60
NSGDKKAEER AKIIFAIQD VEEKTRALMA LKKRTKDKLF QFLKLRKYSI KVH 113

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 77 :

- (A) LÄNGE: 105 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 77

GAFFGROFAQ GSRPFAVSIVY IYKVLKQVHP DTGISSKANG FINESENGIE ETRACERML
AHYNKRSTIT SREIQTAVRL IYGELEKHA VSEGTKAVTK YTSAK 105

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 78:

(A) LÄNGE: 221 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 78

GSGGNHSVCC DTMEGGGGSG NKTGGLAGF FGAGGAGYSH ADLAGVPLTG MNPLSPYLVN 60
DPRLVQDTD EFILPTGANK TRGRFELAFF TIGGCCMTGA AFGAMNGLRL GLKETQMAW 120
SKPRNVQILN MVTRQALWA NTLGSLALLY SAFGVIIKT RGAEDDLNTV AAGTMTGMLY 180
KCTGGLRGIA RGGLTGLTLT SLYALYNNWE HMKGSLLQQS L 221

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 79 :

(A) LÄNGE: 118 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 79

DNRTLTKGPD TVSTMGQCRS ANAEDAQEF S DVERAIETLI KNFHQYSVEG GKETLTPSEL 60
RDLVTQQLPH LMPSNCGLEE KIANLGSCND SKLEFRSFEW LIGEAAKSVK LERPVRGH 118

INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 81:

(A) LÄNGE: 293 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 81

ASRGAEQDGG ASAARPRRRW AGLLQRAAP CSLPRLRTW TSSSNRSRED SWLKSLFVRK 60
VDPKDAHSN LLAKKETSNI YKLQFHNKVP ECLEAYNKIC QEVLPKIHED KHYPCTLVGT 120
WNTWYGEQDQ AVHLWRYEGG YPALTEVMNK LRENKEFLEF RKARSDMLLS RKNQLLEFS 180
FWNEPVPKRG PNIELRSYQ LRPGMTIEWG NYWARAIRFR QDGNEAVGGF FSQIGQLYMV 240
HHLWAYRDLQ TREDIRNAAW HKHGWEELVY YTVPLIQEME SRIMIPKTS PLQ 293

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 82:

(A) LÄNGE: 80 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 82

MAARALCMLG LVIALLSSSS AEEYVGLSAN QCAVPAKDRV DCGYPHVTPK ECNNRGCCFD 60
SRIPGVPWCF KPLQEAECTF 80

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 83:

(A) LÄNGE: 118 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 83

MDVFLMIRRH KTTIFTDAKE SSTVFELKRI VEGILKRPPD EQRLYKDDQL LDDGKTLGEC 60
GFTSQATARPO APATVGLAFR ADDTFEALCI EPFSSPELP DVMKPQDSGS SANEQAVQ 118

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 84 :

(A) LÄNGE: 195 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 84

MGRARDAILD ALENLTAEEL KKFKLKLLSV PLREGYGRIP RGALLSMDAL DLTDKLVSFY 60
LETYGAELTA NVLRDMGLQE MAGQLQAATH QGSGAAPAGI QAPPQSAKP GLHFIDQHRA 120
ALIARVTNVE WLLDALYGV LTDEQYQAVR AEPTNPSKMR KLFSETPAWN WTCKDLLLQA 180
LRESQSYLVE DLERS 195

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 85:

- (A) LÄNGE: 39 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 85

RMSSTRQCGP SPPTQARCGS SSVSHQPGTG PARTCSSRP

39

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 86:

- (A) LÄNGE: 37 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 86

WSGAEAPSQQ HSGQPLAIPP NHPESDLFIH NIRKASL

37

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 87:

- (A) LÄNGE: 100 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 87

GESRFRPGAD FLLVGGCSGV SGGSGRGSWS HGARARRHPG CAGEPDRRG QEVQAEAAVG 60
AAARGLRAHP AGRAAVHGRL GPHRQAGQLL PGDLRRRAHR 100

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 88:

(A) LÄNGE: 63 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 88

PGLAAGLATL LLPSPRAAS LVCAPVAGRR PLCQLELRGL TRHYVAGFGR ATRAGQEPNP 60
SRP 63

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:89 :

(A) LÄNGE: 113 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 89

GIGCGPRDPP ASLPAPRRLS GLCARRRSQA SLSAGVARAD APLCSGFRAG HACGTGTQPQ 60
PTLSSRSSSL TSAEVQLPQF LAQVDNYRHK PLKLECPVAG ISIDLSQLSL QLQ 113

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 90:

- (A) LÄNGE: 153 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 90

HASGQDTASM AASKVKQDMP PPGGYGPIDY KRNLPRRGLS GYSMLAIGIG TLIYGHWSIM 60
KWNRRERRRLO IEDFEARIAL LPLLQAETDR RTLQMLRENL EEEAIIMKDV PDWKVGESVF 120
HTTRWVPLI GELYGLRTE EALHASHGFM WYT 153

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 91:

- (A) LÄNGE: 141 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 91

SLALDQMAY KALDTSSLVG EQVTSYLTKK FAELRSPNEF KVYMGGGGKP WVSDFSHPHY 60
LAGRRAMKTV FGVEPDLTRE GGSIPVTLTF QEATGKNVML LPVGSADDGA HSQNEKLNRY 120
NYIEGTKMLA AYLIEVSQK D 141

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 92:

- (A) LÄNGE: 39 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 92

KMYKFVFFY VLIILRLGL RLIFRKILHA IRSKFYCGS

39

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 93 :

- (A) LÄNGE: 61 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 93

SFQALKFIIR SVRLRRGRSY NIPCQICYHL LAFSFHLRIE HNYFYCSYIA CQIKSFTTKG 60
V 61

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 94:

- (A) LÄNGE: 284 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 94

```
FVRESSSGSR WEVGAGAAVA AFSPQVGTM R PAALRGALLG CLCLALLCLG GADKRLRDNH 60
EWKKLIMVOH WPETVCEKIQ NDCRDPPDYW TIHGLWPKS EGCNRSWPFN LEEIKDLLPE 120
MRAYWPDVIH SFPNRSRFWK HEWEKHGTCA AQVDALNSQK KYFGRSLELY RELDLNSVLL 180
KLGIKPSINY YQVADFKDAL ARVYGVIPKI QCLPPSQDEE VQTIGQIELC LTKQDQQLQN 240
CTEPGEQPSP KQEVWLANGA AESRGLRVCE DGPVFYPPPK KTKH 284
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO. 95:

(A) LÄNGE: 63 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 95

```
QKRSFLEASA MEFSIIREIG QTSPKWSEFL NPGRELTLLS SLDLIGHWAL VRPQTRPVSP 60
VGF 63
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:96 :

(A) LÄNGE: 74 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 96

SFCLVVLHGL GLKIIPKIHQL TNENVSLCAT LPPAQSEFGT QKRTVYTTHL SPSMYSLWA 60
DAPIHGNPLT HFKT 74

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 97:

- (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 97

FRRYTSSQMK TSASAPPSLL PKVNLVLRKE LFIPLTFLPA CTHCGQMHQY MVILLILRR 60
RKLNILL 67

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 98:

- (A) LÄNGE: 77 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 98

CHLNLTMFLG WSQFRVPVC VISSAGWLSS ELLEIFTHAS ANHFEQGCLL VDDLLFFMTG 60
ISGICFLAVF STFLPPW 77

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 99 :

- (A) LÄNGE: 132 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 99

```
TAAAAAMAPP WVPAMGFTLAP SLGCFVGSRF VHGEGLRWYA GLQKPSWHPP HWVLGPVWGT 60
LYSAMGYGSY LVWKELGGFTE KAVVPLGLYT GQLALNWAWP PIFFGARQMG WALVDLLLVS 120
GAAAALPWPG TR                                                    132
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:100 :

- (A) LÄNGE: 130 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 100

```
AAGRGGADAG TAAWLTPARQ CPSRSVPSPL SSPEQQLQQP WPRPGCPPWA SRWRPAWGAS 60
WAPALSTARV SAGTPACRSP RGRPTGCWA LSGARSTQPW GTAPTWSGKS WEASQRRLEW 120
PWASTLGSWP                                                    130
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 101:

- (A) LÄNGE: 186 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 101

```
RPFIRAFACS KMAAVSMSV LRQTLWRRRA VAVAALSVSR VPTRSLRTST WRLAQDQTQD 60
TQLITVDEKL DITTLTGVE EHIKTRKVRI FVPARNMQS GVNNTKKWKM EFDTRERWEN 120
PLMGWASTAD PLSNMVLTF TKEDAVATAE KNGWSYDIEE RKVPPKPKSKS YGANESWNKP 180
TRVSTK 186
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 102:

(A) LÄNGE: 106 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 102

```
QLTRLLQPAL GPGTTAVLLL QISTRPEDLG ETVCSLKPAD RVGQVELGPA RRRRVPRSSG 60
TPSSLSTDTP LTGTPCTPT SPGSPPCPSP DNGSGSALAP AEGLPL 106
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 103:

(A) LÄNGE: 308 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 103

GSRPFTNPAR KDGAMFFHWR RAAEEGKDYP FARFNKTVQV PVYSEQEYQL YLHDDAWTKA 60
ETDHLFDLSR RFDLRFVVIH DRYDHQQFKK RSVEDLKERY YHICAKLANV RAVPGTDLKI 120
PVFDAGHERR RKEQLERLYN RTPEQVAEEE YLLQELRKIE ARKKEREKRS QDLQKLITAA 180
DTTAEQRRTE RKAPKKKLPO KKEAEKPAVP ETAGIKFPDF KSAGVTLRSQ RMKLPSSVGQ 240
KKIKALEQML LELGVELSPT PTEELVHMFN ELRRTWCCST SSSRPVPTAS MSCRCCGTVM 300
RHWPGLVLC 308

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 104:

(A) LÄNGE: 308 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 104

IVPFIPCSPE VQSILKISQP QEPELMNANP SPPSPSPSQI NLGPSSNPHA KPSPDFHFLKV 60
IGKGSFGKVL LARHKAEEVF YAVKVLQKKA ILKKKEEKHI MSERNVLLKN VKHPFLVGLH 120
FSFQTADKLY FVLDYINGGE LFYHLQRERC FLEPRARFYA AEIASALGYL HSLNIVYRDL 180
KPENILLDSQ GHIVLTDGFL CKENIEHNST TSTFCGTPEY LAPEVLHKQP YDRTVDWWCL 240
GAVLYEMLYG LPPFYSRNTA EMYDNILNKP LQLKPNITNS ARHLLEGLLQ KDRTKRLGAK 300
DDFMEIKSHV FFSLINWDDL INKKITPPFN PNVSGPNDLR HFDPEFTEEP VPNSIGKSPD 360
SVLVTASVKE AAEAFLGFSY APPTDSFL 388

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 105:

(A) LÄNGE: 165 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 105

TDSEGRDPSE QTRPWRPPCA LTMAMHFIFS DTAVLLFDFW SVHSPAGMAL SVLVLLLLLAV 60
LYEGIKVGKA KLLNQVLVNL PTSISQQTIA ETDGDSAGSD SFPVGRTHHR WYLCHFGQSL 120
IHVIQVVIGY FIMLAVMSYN TWIFLGVLG SAVGYLAYP LLSTA 165

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 106:

(A) LÄNGE: 478 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 106

GLPLGITVPV ARETITSLFN KSSVIGPPLR LILKAQVTRG NLCCPVTVTM QLRNPELHLG 60
CALALFFLA VSWDIEGARA LDNGLARTET MGWLHWERFM CNLDCQEEPQ SCISEKLFME 120
MAELMVSEGW KDAGYEYLCI DDCWMAPOD SEGRLOADPO RFPHGIRQLA NYVHSGGLKL 180
GIYADVGNKT CAGFPGSFGY YDIDAQTFAD WGVDLLKFDG CYCDSLENLA DGYKHMSLAL 240
NRTGRSIVYS CEWPLYMWPF QKPNYTEIRQ YCNHWRNFAD IDDSWKSIS ILDWTSEFNQE 300
RIVDVAGPGG WNDPDMLVIG NFGLSWNQV TQMALWAIMA APLFMSNDLR HISPOAKALL 360
QDKDVIAINQ DPLGKQGYQL RQGDNFEVWE RPLSGLAWAV AMINRQEIGG PRSYTIAVAS 420
LGKGVACNPA CFITQLLPVK RKLGFYEWS RLRSHINPTG TVLLQLENTM QMSLKDLL 478

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 107 :

(A) LÄNGE: 115 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 107

ESLLLTLDLE KPVSLLLSVT NLYSKNSAQF STILQTLSEF ATFTPPSPSIP LSSAYFFFFS 60
DRVSLCRPGR SAVAQSWGSL QASTSQRASD HHASAPQVGW GLTRRHHTTA GLIFC 115

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 108:

(A) LÄNGE: 69 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 108

TKLTPGQASP WFPHTPVSL RSSRLTSLPL VCRSLTSRFR STSCLSQTTP SPFQERSRNS 60
NFESRWNDI 69

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 109:

(A) LÄNGE: 78 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 109

MSPAPSSEPG TSNVKELTER TKSSWMGPGT RLGTRCQKAG SLPRPSLLSI PHIPLSVLVI 60
WHKELLFSLA KKKKKKKK 78

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 110:

- (A) LÄNGE: 78 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 110

```
FFFFFFFLAK ENRSSLCQIT RTDRGMWGMD RREGLGRLPA FWHLVPRRVP GPIQELLVRS 60
VNSLTFDVP G SELGAGDI 78
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 111:

- (A) LÄNGE: 77 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 111

```
LSETARISRQ GSHLWSLTNY FILLQMANCA EGQSHSHTLQ RLPNCFWKFT PRSGPLQAAG 60
TRGPRGCGTG PGTVRHV 77
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 112:

- (A) LÄNGE: 75 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 112

PITSFCFKWP IVQRDKATAT LFNGYQTVFG NSHQGRAHCR QLAHVARGAV ERVPELSDMF 60
DFSVSFVLQI RCPNK 75

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 113:

(A) LÄNGE: 103 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 113

DCEDLQAGFS PLESDQLLHF ASNGQLCRGT KPQPHSSTVT KLFLEIHTKV GPTAGSWHTW 60
PEGLWNGSRN CQTCLILAFP LFFKSGAQIS DQHSCFQIGE TIK 103

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 114:

(A) LÄNGE: 134 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 114

IAAASARRPP RLPRLSAPPS RGARGTMADP RVRQIKIKTG VVKRLVKEKV MYEKEAKQQE 60
EKIEKMRAED GENYDIKKQA EILQESRMMI PDCQRRLEAA YLDLQRILEN EKDLEEAEY 120
KEARLVLDV KLEA 134

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 115:

- (A) LÄNGE: 171 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 115

SGAVGAERMG APTPLLTGSR VLRAAVWVRG QSGRRWAART ACQPGAPESC AAGPRGAPRP 60
PQPGAFREPR GAHDGGGDGY RAQGGRAGEA QGGAAAVEA ERCVLTERGL QLFEAKGTGG 120
RPKELSFARI KAVECVESTG RHIYFTLVTE GAARSTSAAP WKIPAGTPRS P 171

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 116 :

- (A) LÄNGE: 247 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 116

AWSSSRTSRP SRQCGPGRAS GPGPSCP KPP GAPSFLHATH HLSAEVKAAS LFPLACGGTA 60
VLHVARWKAW TCGGGAGAEG MDEPWEEGR LRRAEDEDAA PGWSQTLRTC PAQGLRATGL 120
ASYGMRGSWH RSPLPAVLP SVLQTALSPL ALCQAWRRV PHGVPSQRLR NQEASLVPKG 180
VPRAWYPGPL QNGLWTHLEK GELLGLKPTP GGLLLLRFSW DPHPSRPFLC TLLPPPLRIF 240
PPLRCSA 247

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 117:

- (A) LÄNGE: 521 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 117

```
SKLNSYYGNV PVIEVKNH PVEVVYLSEAQ KDSFESILRL IFEIHHSGEK GDIVVFLACE 60
QDIEKVCETV YQGSNLNPD LGELVVVPLYP KEKCSLFKPL DETEKRCQVY QRRVVLTTSS 120
GEFLIWSNSV RFVIDVGVE RRKVYNPRIRA NSLVMQPI SQAEIRKQIL GSSSSGKFFC 180
LYTEEFASKD MTPLKPAEM QEANLTSMVLF MKRIDIAGLG HCDFMNRPAE ESLMQALEDL 240
DYLAALDNDG NLSEFGIIM SEFPLDPQLSK SILASCEFDC VDEVLTIAAM VTAPNCFSHV 300
PHGAEEAALT CWKTFHPE GDHFTLISIYK AYQDRTLNSS SEYCVKWCYR DYFLNCSALR 360
MADVIRAEEL EIIKRIELP YAEPAFGSKEN TLNIKKALLS GYFMQIARDV DSGSNYLMLT 420
HKQVAQLHPL SGYSITKKM PEWVLFHKFSI SENNYIRITS EISPFLFMQL VPQYYFSNLP 480
PSESKDILQQ VVDHLSPVS TMNKEQQMCET CPETEQRCTL Q 521
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 119:

- (A) LÄNGE: 108 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 119

```
MILQRLFRFS SVIRSAVS VH LRRNIGVTAV AFNKELDPIQ KLFVDKIREY KSKRQTSGGP 60
VDASSEYQQE LERELFKLKQ MFGNADMNTF PTFKFEDPKF EVIEKPQA 108
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 120:

- (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 120

RGFYLPKLKK QNWYLTALPR DHLWALVESR HSKHSTGKRR ICLDSEMRYN SEDTMAESSR 60
GVGGSSY 67

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 121 :

- (A) LÄNGE: 129 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 121

AAALALRIAA AMASQSQGIQ QLLQAEKRAA EKVSEARKRK NRRLKQAKEE AQAEIEQYRL 60
QREKEFKAKE AAALGSRGSC STEVEKETQE KMTILQTYFR QNRDEVLDNL LAFVCDIRPE 120
IHENYRING 129

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 123:

- (A) LÄNGE: 175 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 123

SNMAAPSGGW	NGVGASLWAA	LLGAVLRP	AEAVSEPTTV	AFDVRPGGVV	HSFSHNVGPG	60
DKYTCMFTYA	SQGGTNEQWQ	MSLGTSEDHQ	HFTCTIWRPQ	GKSYLYFTQF	KAEVGAEIE	120
YAMAYSKAAF	ERESDVPLKT	EEFEVTKTAV	AHRPGAFKAE	LSKLVIVAKA	SRTEL	175

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 126:

(A) LÄNGE: 132 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 126

APPGLFPVAS	PELKRCGMAR	ACLQAVKYL	MAFNLLFWLG	GCGVLGVGIW	LAATQGSFAT	60
LSSSFPSLSA	ANLLIITGAF	VMAIGFVGCL	GAIKENKCLL	LTFFRCCWLE	ATIAILFFAY	120
TDKIDRYAQQ	DL					132

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 128:

(A) LÄNGE: 357 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 128

```
VRVKMAAAEA ANCIMEVSCG QAESSEKPNA EDMTSKDYYF DSYAHFGIHE EMLKDEVRTL 60
TYRNSMFHNR HLFKDKVULD VSGTGILCM FAAKAGARKV IGIECSSISD YAVKIVKANK 120
LDHVVTIIKG KVEEVELPVE KVDIIISEWM GYGLFYESML NTVLYARDKV LAPDCLIEPD 180
RATLYVTAIE DRQYKDYKIH WVENYGFDM SCIKDVAIKL ELVEFTDPKQ LVTNACLIKE 240
VDIYTVKVED LTFTSPFCLQ VKRNDYVHAL VAYFNIEFTR CHKRIGFSTS PESPYTHWKQ 300
TVFYMEDYLT VKTGEEIFGT IGMRPNAKNN RDLDFITDLD FKGQLCELSK STDYRMR 357
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 129:

(A) LÄNGE: 129 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 129

```
NQDTPPRTLL PSLSPNQRLG FSSPSGCSPT FPSRLHSPDW TTVAVRLDLK TGPRLGMNGC 60
SPLLLFPPTS LMREVVAFPS QGASMGKVSX ASGGAHEYRR GMVATISPSP NLSPFFESW 120
GRVGRDPDL 129
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 130:

(A) LÄNGE: 41 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 130

RQCLLWGHNW CMPAPKGPVF RGHFSQLLPS QMTAPSLEGA Q

41

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 131:

(A) LÄNGE: 125 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 131

QGQDKPSGLW PPGPWFFCPT TWSPHGWLAC CPCVCVTHGV SAGLCPCWEG VYVAVTVLAQ 60
SWWLLSMUND TLRIVLCFS YLWGIFFLRL LGLLLPQGV LTRIMRCPLP VSFILSSREV 120
LTPDS 125

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 132:

(A) LÄNGE: 120 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 132

DKGELGASCL PLTGPLHTKE DPRSWQGEV PLKTCLEHFQ GREKRGGYPF SELAPGLGSS 60

HFSRPFLRVW GEHLPRTQYG GNRQGSPHQP QGQDTLRQQQ TQEPEGENTP QIGKTNQDNP 120

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 133:

- (A) LÄNGE: 105 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 133

PHSRHCLYMH PSHLLTEGG NTQLHMLTHS HLLTEGGNTR SSALMRFQTL LPICKPHSP 60
PPDKEIYKSG SLPTLPHSLs KKGLRLGDGE IVTAIPLRWY SAPPEAFETF PIEAP 105

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 134:

- (A) LÄNGE: 72 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 134

DRLYWKFDPV KVKALEGFPR LVGPDDFFGCA SLPTLSSDHG LDALRGADPC QATNIRLETH 60
GHLGCGHQA WD 72

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 135:

- (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 135

PLPCHEYOAR DPWPSLWLWA PGMGLSPCLL RGMGWGITTA TTAGDTCVV VTCORLSQTC 60
MT 67

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 136:

(A) LÄNGE: 180 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 136

GGACGRTAEE AARETTRRSR KMRTRREFPV ISVVGYNCG KTTLIKALTG DAAIQPRDQL 60
FATLDVTAHA GTLPSRMTVL YVDTIGFLSQ LPHGLIESFS ATLEDVAHSD LILHVRDVSH 120
PEAESRNAAF CPRCVACSCP PRSWTPWWRF TTRWTSCPGT APRNRTSCPC LPCGATGSRS 180

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 137:

(A) LÄNGE: 120 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 137

PWALQLHRLI GWSPNHSFLV KAELTAKQAT MKLSVCLLLV TLALCCYQAN AEFCPALVSE 60
LLDEFFISEP LFKLSLAKFD APPEAVAAL GVKRCTDQMS LQKRSLIAEV LVKILKKCSV 120

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:138 :

(A) LÄNGE: 226 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 138

LGHNHKGAI SMLFIRRTVC GVVILFFLK FFLEFLNLIMI LGHDSVFSMT VASTRTRSPF 60
RGGLPSSVKL SAPIERTFSS RILSPHARG SPPIKIRSE VTFHWRLAKC TTAKSLPYCP 120
VTIISFTFFT TSAWCLVST GSGRTTSGQG GELRDVLGTY PGRYEVLCLE NLREADQREA 180
APGPEGLRML WLHADSRPK VTVREDAAMA AAIFPQPRPE TETTRT 226

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:139:

(A) LÄNGE: 222 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 139

VRVSVSGRG CGKMAAAMAA SSLTVTLGRL ASACSHSILR PSGPGAASLW SASRRFNSQS 60
TSYLPGYVPK TSLSSPPWPE VVLPDPVEET RHHAENVVKKV NEMIVTGQYG RLFAVVHFAS 120
RQWKVTSDEL ILIGNELDLA CGERIRLEKV LLVGADNFTL LGKPLL GKDL VRVEATVIEK 180
TESWPRIIMR FRKRKNFKKK RIVTTPQTVL RINSIEIAPC LL 222

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:140:

- (A) LÄNGE: 181 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 140

MMVAGAGADF VMLGGMLAGH SESGGELIER DGKKYKLFYG MSSEMAMKKY AGGVAEYRYV 60
WRPRSLVIVW RQNSWLLRGG WYSSQRSMVN RGSMLGSVEK SLGLRNPEGE DNKVFPTLRA 120
SEGKTVEVPF KGDVEHTIRD ILGGIRSTCT YVGA AKLKE L SRRTTFIRVT QQVNPIFSEA 180
C 181

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:141:

- (A) LÄNGE: 168 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 141

STWRQEQIGC FIMDGGDDGN LIIKKRFVSE AELDERRRR QEEWEKVRKP EDPEECPEEV 60
YDPRSLYERL QEQRDRKQE YEEQFKFKNM VRGLDEDET N FLDEVSQQE LIEKQRREEE 120
LKEKLEYRNN LKKVGISQEN KKEVEKKLTV KPIETKNKFS QAKCWQEL 168

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:142:

- (A) LÄNGE: 153 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 142

TRKERSKEQR	SRGEVEEKKH	KEDKDDRRHR	DDKRDSKKEK	KHSRSRSRER	KHSRSRSRNR	60
AGKRSRSRSK	EKSSKHKNES	KEKSNKRSRS	GSQGRDTSVE	KSKKREHSPS	KEKSRKRSRS	120
KERSHKRDHS	DSKDQSDKHD	RRRSQSIEQE	SQEKQHKNKD	ETV		153

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:143:

- (A) LÄNGE: 131 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 143

KRRNIKKTKM	IGGTEMTKEI	PRKRKNTVEA	EAEKGNTVEG	VEVEMQGNEV	EVEAKRNQVN	60
IKMKVKKNQI	NEVEAVKEE	LTVLKNQKNG	NIVPAKKNLE	SVVEAKNVPT	NEITVIVRTS	120
QTNMIVEGAK	V					131

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:144:

- (A) LÄNGE: 144 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 144

IFLCWDYVPV FLIFQHCQFF LDCHFEVYL IELXEHFYV LISLCYFYE VSIHFEYDSY 60
FCVSFLCF CF YCVFSLSWNL FCHLCAAYHL CLVYSSLL LPYFSVPWTF LFSFISSELI 120
IVTISSSTSL IFFLSFSIPC PFYPP 144

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 145:

(A) LÄNGE: 176 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 145

RLHRRGTASR SSHSSDSGGS DVDLDPTDGK LFPSDGFRDC KKGDPKHGKR KRGRPRKLSK 60
EYWDCLEGKK SKHAPRGTHL WEFIRDILIH PELNEGLMKW ENRHEGVFKF LRSEAVAQLW 120
GQKKKNSNMT YEKLSRAMRY YYKREILERV DGRRLVYKFG KNSSGWKEEE VLQSRN 176

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 146:

(A) LÄNGE: 114 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 146

MTCKMSQLER NIETIINTFH QYSVKLGHPD TLNQGEFKEL VRKDLQNFLK KENKNEKVIE 60
HIMEDLDTNA DKQLSFEEFI MLMARLTWAS HEKMHEGDEG PGHHHKPGLG EGTP 114

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 147:

(A) LÄNGE: 1624 Basenpaare

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 147

ATLEHPALVP IQPAEMVELM FPLLLLLLFF LLYMAAPQIR KMLSSGVCTS TVQLPGKVVV 60
VTGANTGIGK ETAKELAQRG ARVYLACRDV EKGELVAKI QTTTGNQQVL VRKDLSDTK 120
SIRAFAGFL AEEKHLHVLI NNAGVMMCPY SKTADGFEMH IGVNHLGHFL LTHLLEKLK 180
ESAPSRIVNV SSLAHLGRI HFHNLQGEKF YNAGLAYCHS KLANILFTQE LARRLKGSV 240
TTYSVHPGTV QSELVRHSSF MRWMWWLFSF FIKTPQGAQ TSLHCALTEG LEILSGNHFS 300
DCHVAWVSAQ ARNETIARRL WDVSCDLLGL PID 333

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 149 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1624 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 149 :

```

TGAGCGGGGG ATGATGGCGC CGCGGAGGGT CAGGTCGTTT CTGCGCGGGC TCCCGGCGCT 60
GCTACNTGCT GCTGCTCTTC CTCGGGCCCT GGCCCGCNTG CGAGCCACGG CGGCAAGTAC 120
TCGCGGGAGA AGAACCAGCC CAAGCGCTCC CCGAAACGCN GAGTNCCTGA GAGCACTTCC 180
GCATGGAGAA GTTGAACCAG CTGTGAGGAA TGGCCAGCG ACTGCANTCT TCCTCCCGTG 240
AGGCTGGCCG ANGCTCCACG CTGATCTGAA GATACAGGNA GAGGGACGAA CTCGCCTNGG 300
AAGAACTAA ANGCTTGACG GCTTGGACGA AGATGGGGAG AAGGAAGCGA GACTCATACG 360
CAACCTCAAT GTCATCTTGG CCAAGTATGG TCTGGACGGA AAGAAGGACG CTCGGCAGGT 420
NGACCAGCAA CTCCCTCAGT GGCACCCAGG NAAGACGGGC TNNGGATGAC CCCAGGCTGG 480
AAAAGCTGTN GGCACAAGGC GAAGACNCTC TGGGAAATTC TCCGGCGAAG AACNTGGACA 540
AGCTCTGGCG GGAGTTCTTG CATCACAAAG AGAAAGTTCA CGAGTACAAC GTCCTGCNTG 600
GAGACCCNTG AGCAGGACCG AAGAAATNCC ACGAGAACGT NCANTTAGCC CCTCGGNACC 660
TGNAGCGACA TNCAAGGGNC AGCGTCCTGC ACAGCAGNGC ACNACGGAGC NNTGAANGGA 720
GAAGCTGCGC AGNATCCAAC CANGGGCCTG GACCGCCTGC GCAGGGTCAG CCACCAGGGC 780
TACAGCACTG AGGCTGAGTT CGAGGAGCCC AGGGTGATTG ACCTGTGGGA CCTNGGCGCA 840
GTCCGCCAAC CTCACGGACA AGGAGCTGGA GCGGTTCCGG GAGGAGCNTC NAAGCACNTT 900
CGAAGCCAAA ATCGNAGAAG CACANACCAC TACCAGAANG CANGCTGGAG ATTGCGCACG 960
AGAAGCTGAG GCACGCAGAG AGCGTGGGNC GANCGGCGNA GCGTGTNGAG CCGCNNAGCC1020
GCGANNGAAG CNACGCCCTG CTGGAGGGGC NGGACCNAAG GNAGCTGGGC TACACGGTGA1080
ANGAAGCATC TGCAGGANCC TGTCCGGCAG GANTCTCCAN NGAGCTCGGC ANCAACGAAN1140
CTCTGAANGG CNATTGGGGA GNCCNAGCC CGGCANGGGA ANGAGNNNC CNAGCGTGNA1200
ANGGACCNTG NGGCTCTTGG CCNGGGGCAT TTNCCGTGGA CAGCCCNCGC GTCAGGGTGG1260
CTGGGGCTGG CACNGGGTGT CGAGGCAGGA AGGATNTGTT TCTGGTGACN TGCAGCCGCT1320
GCCGTGCGGA CACANGGGCT TGGTGGTGGT AGCNATTTGG GTCTGAGATC GGCCCAGCNT1380
CTGACTGAAG GGGCTTGGNC TTCCACTCAG CATCAGCGTG GCAGTCACCA CCCCAGTNGA1440
GGACCTCGAT GTCCAGCTGC TGTCAGGTCT GATAGTCCTC TGCTNAAAAC AANCACGATT1500
TACATNAAAA AATCTTACAC ATCTGCCACC GGAAATACCA TGCACAGAGT CCTTAAAAAA1560
TANGAGTGCA GTATTTNNA AACCACAAAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA1620
AAAA

```

1624

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 150 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1756 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 150 :

```

AAGCAACCTC GTTTATGTCT TATCTTTGCA TTTTCCTGTA TTCAGCTATT TTCTTAAAGG 60
AAGGCCCAGG TCTGTATTAT CCTACTGCCA CATAGGAAGT AAAATCTGTA CTCACAGCCT 120
TGCTTTTCTT CACTGAACAC AGCTTTTGTG AATGTTTTTAC ACAAGAACAG GATGTTTCTA 180
ACTCAACGCT TAAGCCTTTC TGTGATTATT CTTCCCTTGG ATCACTCTGA TGTCCACAGT 240
GTAATTTGAG CCTGGAGCTT TTGTTACACAC TTTAAATAGC AGTCCCAGAA TGATTTCAC 300
ACAGACTCTC TGGAAAGCCT GGGAGCTGAA TTCCGGAAGA TCCCCACATC GATGAAAGCA 360
AAGCGAAGCA CCAAGCCATC ATCATGTCCA CGTCGCTACG AGTCAGCCCA TCCATCCATG 420
GCTACCACTT CGACACAGCC TCTCGTAAGA AAGCCGTGGG CAACATCTTT GAAAACACAG 480
ACCAAGAATC ACTAGAAAGG CTCTTCAGAA ACTCTGGAGA CAAGAAAGCA GAGGAGAGAG 540
CCAAGATCAT TTTTGCCATA GATCAAGATG TGGAGGAGAA AACGCGTGCC CTGATGGCCT 600
TGAAGAAGAG GACAAAAGAC AAGCTTTTCC AGTTTCTGAA ACTGCGGAAA TATTCCATCA 660
AAGTTCAC 720
CAAGTGAGTT TGTGAGATTC TAACAGATGC AGCATTTCG TGCTACCTTA CAAGCTTCTC 780
TTCTGTCAGG ACTCCAGAGG CTGGAAAGGG ACCGGGACTG GAAAGGGACC AGGACTGAAC 840
AGACTGGTTA CAAAGACTCC AAACAATTTC ATGCCCTGTG CTGTTACAGA GGAGAACAAA 900
ATGCTTTTCAG CAAGGATTTC AAAACTCTTC CGTCCCTGCA GGAAAGGATT GATGCTGATA 960
GAAGAGCCTG GACAGATGTA ATGAGAACTA AAGAAACAG ATGGCTGGAG ATGACATTTA 1020
TCCAGGGTCA CTTTGTCTAGG CCCTAGGACT TAAATCGAAG TTGAACTTTT TTTTTTTTTT 1080
AACCAAATAG ATAGGGGAGG GGAGGAGGGA GAGGGAGGAC AGGGAGAGAA AATACCATGC 1140
ATAAATTGTT TACTGAATTT TTATATCTGA GTGTTCAAAA TATTCCAAG CTGAGTATT 1200
GTCTATTGCT ATAGATTTT AGAAATCAAT AATTGATTAT TTATTGCAC TTATTACAAT 1260
GCCTGAAAAA GTGCACCACA TGGATGTTAA GTAGAAATTC AAGAAAGTAA GATGTCTTCA 1320
GCAACTCAGT AAAACCTTAC GCCACCTTTT GGTGTTGAAA AGGTTTTTTT TACATTTCAA 1380
ACAGGTTGCA CAAAAGTTAA AATAATGGGG TCTTTTATAA ATCCAAAGTA CTGTGAAAAC 1440
ATTTTACATA TTTTTTAAAT CTTCTGACTA ATGCTAAAAC GTAATCTAAT TAAATTTTCA 1500
ACAGTTACTG CAGTAAGCAT TAGGAAGTGA ATATGATATA CAAAATAGTT TATAAAGACT 1560
CTATAGTTTC TATAATTTAT TTTACTGGCA AATGTCATGC AACAATAATA AATTATTGTA 1620
AACTTTGTGA AAAATAGTCT GTGATGCTTG GTCTCAAAGG AAAAAATAAG ATGGTAAATG 1680
TTGATATTTA CAACTTTTC TAAAGATGTG TCTCTAACAA TAAAAGTTAA TTTTAGAGTA 1740
AAAAAACGG CTCGAG

```

1756

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 151 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1638 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 151 :

```

CTCAGTATTA AGCAACAGG ATCGTAGACT CAGCATAGAC CCATCACAGA 60
CCTGTCAGAG GCCGATTGTA AGCTEGCTGT AGACCCATGA TAGCAGACCC GTAGTCACTA 120
GCACTGGATC AAATGCAAGC TTATAAAGCA TTGGACACCT CAAGTCTAGT CGGCGAGCAG 180
GTCACAAGCT ACCTAACTAA GAAGTTTGCT GAACTACGCA GCCCCAATGA GTTCAAGGTG 240
TACATGGGCC ACGGTGGGAA GCCCTGGGTC TCCGACTTCA GTCACCCTCA TTACCTGGCT 300
GGGAGAAGAG CCATGAAGAC AGTTTTTGGT GTTGAGCCAG ACTTGACCAG GGAAGGCGGC 360
AGTATTCCCC TGACCTTGAC CTTTCAGGAG GCCACGGGCA AGAACGTCAT GCTGCTGCCT 420
GTGGGGTCAG CGGATGACGG AGCCCACTCC CAGAATGAAA AGCTCAACAG GTATAACTAC 480
ATAGAGGGAA CCAAGATGCT GGCCGCGTAC CTGTATGAGG TCTCCCAGCT GAAGGACTAG 540
GCCAAGCCCT CTGTGTGCCA TCTCCAATGA GAAGGAATCC TGCCCTCACC TCACCCTTTT 600
CCAAC TTGCC CAGGGAAGTG GAGGTTCCCT CTTTCCTTTC CCTCTTGTC GGTATCCAT 660
GACTTTAGAG AACAGACACA AGTGTATCCA GCTGTCCACG GGTGGAGCTA CCCGTTGGGC 720
TTATGAGTGA CCTGGAGTGA CAGCTGAGTC ACCCTGGGTA AGTTCTCAGA GTGGTCAGGA 780
TGGCTTGACC TGCAGAAGAT ACCCAAGGTC CAAAAGCACA AGGTCTGCGG AAAGTTCTGG 840
TTGTCGGCTG GGCACCACGG CTCACACCTA TAATCGAGCA CTTTGGGAGG CCAAGACAGG 900
AGGATCACTT GAGGCCAGGA GTCTGAGACA AGCCTAGGCA ACAAACAAG ACTCTGTCTC 960
TACAAAAAGT TTAAGAAATG AGCCAGACAT GGTGGTGTAT GCCTGTAGTC CCAGCCACTC 1020
AGGAGGCTCA CAGGAGGA TGGCTGAGA CCAAGGTTT GAGGCTGCGG TGAGCTCTGA 1080
ATGCACCACG GCATCAAGC CTGGGCAATG TAGCAAGATC CTGTCTCTAC AAGAAATTTT 1140
TTAAAAATGA GCCAAGTGTG GTGGTGATG CCTGTAGTTC CAGCTACTCA GGACACTGAC 1200
GTAGGAGGGT TGCTTGAGAC TGAGAGTTGG AGGCTGCGAT GAGCCATGAA TGCCCCACTG 1260
CACTCCAGCC TGGGCGACAG AACGAGACCC CATCTCAAAA AAAATAAGTT CTGGTTGTCA 1320
TTGAATTGGG ATAAACAGAG AGCTTGATGC TTTCTGCCTT CTGTCTCAGG TGATGCAATT 1380
CACATTTGGG ATATTTGGAA AGGAAATGAG GAAAGAAATT AGGGCCTCCT CTGATCTCTC 1440
GCTATCTGCG GGTCTGTCC TTTTCTCAAG ACCTTCACCA TTAAGGTTGT TTTCTGTCT 1500
TCTCTTTAGT ATGATCCCTC AAAACCTCAC TAACTGGAAG GATGATTTTG TCTCAGTTTG 1560
TACTCCTAAA TAAAAAGTAA ACATGACACC TCTAAAAAAA AAAAAAAAAA AAAAAAAA 1620
AAAAAAAAA AAAAAAAA
1638

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 152 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2589 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 152 :

```
CCAGGGA GATTTCCTCA TTTTCTCTT GTCTACAGTG CGGCTACAAA TCTGGGATTT 60
TTTTATTACT TCTTTTTTTT TCGAACTACA CTTGGGCTCC TTTTTTTGTG CTCGACTTTT 120
CCACCCTTTT TCCCTCCCTC CTGTGCTGCT GCTTTTTGAT CTCTTCGACT AAAATTTTTT 180
TATCCGGAGT GTATTTAATC GGTTCTGTTC TGTCCTCTCC ACCACCCCCA CCCCCCTCCC 240
TCCGGTGTGT GTGCCGCTGC CGCTGTTGCC GCCGCCGCTG CTGCTGCTGC TCGCCCCGTC 300
GTTACACCAA CCCGAGGCTC TTTGTTTCCC CTCTTGATC TGTTGAGTTT CTTTGTGAA 360
GAAGCCAGCA TGGGTGCCCA GTTCTCCAAG ACCGCAGCGA AGGGAGAAGC CGCCGCGGAG 420
AGGCCTGGGG AGGCGGCTGT GGCCTCGTCG CCTTCCAAAG CGAACGGACA GGAGAATGGC 480
CACGTGAAGG TAAACGGCGA CGCTTCGCCC GCGGCCGCCG AGTCGGGCGC CAAGGAGGAG 540
CTGCAGGCCA ACGGCAGCGC CCCGGCCGCC GACAAGGAGG AGCCCGCGGC CGCCGGGAGC 600
GGGGCGGCGT CGCCCTCCTC GGCCGAGAAA GGTGAGCCGG CCGCCGCCGC TGCCCCGAG 660
GCCGGGGCCA GCCCGGTAGA GAAGGAGGCC CCCGCGGAAG GCGAGGCTGC CGAGCCCGGC 720
TCGGCCACGG CCGCGGAGGG AGAGGCCGCG TCGGCCGCCT CCTCGACTTC TTCGCCAAG 780
GCCGAGGACG GGGCCACGCC CTCGCCAGC AACGAGACCC CGAAAAAAA AAAGAAGCGC 840
TTTTCTTCA AGAAGTCTT CAAGCTGAGC GGCTTCTCCT TCAAGAAGAA CAAGAAGGAG 900
GCTGGAGAAG GCGGTGAGGC TGAGGCGCCC GCTGCCGAAG GCGGCAAGGA CGAGGCCGCC 960
GGGGGCGCAG CTGCGGCGCG GCGCGGCGC GCGCGGCTT CCGGGAGCA GCGAGCGGCG 1020
CCGGGCGAGG AGGCGGCGAG GGGCGAGGAG GGGCGGCGG GTGGCGACCC GCAGGAGGCC 1080
AAGCCCCAGG AGGCCGCTGT CGCGCCAGAG AAGCCGCCCG CCAGCGACGA GACCAAGGCC 1140
GCCGAGGAGC CCAGCAAGGT GGAGGAGAAA AAGGCCGAGG AGGCCGGGGC CAGCGCGGCC 1200
GCCTGCGAGG CCCCCTCCGC CGCCGGGCCC GCGCGGCCCC CGGAGCAGGA GGCAGCCCCC 1260
GCGGAGGAGC CCGCGGCCGC CGCAGCCTCG TCAGCCTGCG CAGCCCCCTC ACAGGAGGCC 1320
CAGCCCGAGT GCAGTCCAGA AGCCCCCCCC GCGGAGGCGG CAGAGTAAAA GAGCAAGCTT 1380
TTGTGAGATA ATCGAAGAAC TTTTCTCCCC CGTTTGTGTTG TTGGAGTGGT GCCAGGTACT 1440
GTTTTGGAGA ACTTGTCTAC AACCAGGGAT TGATTTTAAA GATGTCTTTT TTTATTTTAC 1500
TTTTTTTTTA GCACCAAATT TTGTTGTTTT TTTTTTTCTC CCCTCCCCAC AGATCCCATC 1560
TCAAATCATT CTGTTAACCA CCATTCCAAC AGGTCGAGGA GAGCTTAAAC ACCTTCTTCC 1620
TCTGCCTTGT TTCTCTTTTA TTTTTTATTT TTTTCGCATCA GTATTAATGT TTTTGCATAC 1680
TTTGCATCTT TATTCAAAAG TGTAAGCTTT CTTTGTCAAT CTATGGACAT GCCCATATAT 1740
GAAGGAGATG GGTGGGTCAA AAAGGGATAT CAAATGAAGT GATAGGGGTC ACAATGGGGA 1800
AATTGAAGTG GTGCATAACA TTGCCAAAT AGTGTGCCAC TAGAAATGGT GTAAAGGCTG 1860
TCTTTTTTTT TTTTTTTAAA GAAAAGTTAT TACCATGTAT TTTGTGAGGC AGGTTTACAA 1920
CACTACAAGT CTTGAGTTAA GAAGGAAAGA GGAAAAAGA AAAAACACCA ATACCCAGAT 1980
TTAAAAAAA AAAAACGATC ATAGTCTTAG GAGTTCATTT AAACCATAGG AACTTTTAC 2040
TTATCTCATG TTAGCTGTAC CAGTCAGTGA TTAAGTAGAA CTACAAGTTG TATAGCTTT 2100
ATTGTTTATT GCTGGTTTAT GACCTTAATA AAGTGTAATT ATGTATTACC AGCAGGGTGT 2160
TTTTAACTGT GACTATTGTA TAAAAACAAA TCTTGATATC CAGAAGCACA TGAAGTTTGC 2220
AACTTTCCAC CCTGCCCATT TTTGTAAAAC TGCAGTCATC TTGGACCTTT TAAAACACAA 2280
ATTTTAACT CAACCAAGCT GTGATAAGTG GAATGGTTAC TGTTTATACT GTGGTATGTT 2340
TTTGATTACA GCAGATAATG CTTTCTTTTC CAGTCGTCTT TGAGAATAAA GGAAAAAAA 2400
TCTTCAGATG CAATGGTTTT GTGTAGCATC TTGTCTATCA TGTTTTGTAA ATACTGGAGA 2460
AGCTTTGACC AATTTGACTT AGAGATGGAA TGTAACCTTG CTTACAAAAA TTGCTATTAA 2520
```

ACTCCTGCTT AAGGTGTTCT AATTTTCTGT GAGCACACTA AAAGCGAAAA ATAAATGTGA2580
ATAAAATGT 2589

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 153 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2963 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 153 :

CTCCACACC ACCTTCGGTG ACGGGCCTGA CATGCTGCGC ACAGACTTGG GCGACTCCAC 60
CGCCTCGCTG GACAGCATCG TCAGGGATGA AGGGATCCAG AAGCTCGGCG TGTCTCTTGG 120
GCTGGTGAGG GGCAGCCACG GAGAGCCAGA CGCGTCCCTC ATGCCCAGGA GCTGCAAGGA 180
TCCCCCTGGC CACGATTCCG ACTCAGATAG CGAGCTGTCC CTGGATGAGC AGAGCAGCTC 240
TTACGCCCTC TCACACTCGT CAGACAGCGA GGACGATGGG GTGGGAGCTG AGGAAAAATG 300
GGACCCGGCC AGGGGCGCCG TCCACAGCAC CCCCAGAGG GACGCTGTGG CCAACCACGT 360
TCCGGCCGGC TGGCCCGACC CAGAGCCTGG CTGAGAGTGA CAGTGAGGAC CCCAGCGGCA 420
AGCCCCGCCT GAAGGTGGAG ACCAAGGTCA CGGTGGAGCT GCACCGCGAG GAGCAGGGCA 480
GTCACCGTGG AGAGTACCCC CCGGAACCAG GAGAGCGGGG GCGCACAGGG CTTGCTAGCA 540
GCCAGCCCCC AGAGCAGAGG AAAGGCATCT TGAAAAATAA AGTCACCTAC CCGCCGCCGC 600
TGACGCTGAC GGAGCAGACG CTGAAGGGCC GGCTCCGGGA GAAGCTGGCC GACTGTGAGC 660
AGAGCCCCAC ATCCTCGCGC ACGTCTTCCC TGGGCTCTGG CGGCCCCGAC TGCGCCATCA 720
CAGTCAAGAG CCTTGGGAGG GAGCCGGGGC GTGACCACCT CAACGGGGTG GCCATGAATG 780
TGCGCACTGG GAGCGCCCAG GCCGATGGCT CCGACTCTGA AGGCAGTAAT GAAACTTCAA 840
TTTGAACCAT CAGTAATGAA ACTTCAATTT GAACCATCAG GAAACCGTGA GGCAAGCCCG 900
TCACCCACA CAGGCTGCGG CATCACCTC AGACCTTGGA GCCCAAGGGG CCACTGCCCT 960
TGAAGTGGAG TGGGCCCAGA GTGTGGCGGT CCCCATGGTG GCAGCCCCC GACTGATCAT1020
CCAGACACAA AGGTCTTGGT TCTCCAGGA GCTCAGGGCC TGTCAGACCT GGTGACAAGT1080
GCCAAGGCC ACAGGCATGA GGGAGGCGTG GACCACTGGG CCAGCACCGC TGAGTCTTAA1140
GACTGCAGTC AAAGCCAGAA CTGAGAGGGG ACCCCAGACT GGGCCCAGAG GCTGGCCAGA1200
GTTCAGGAAC GCCGGGCACA GACCAAGAC CGCGGTCCAG CCCCGCCAG GCGGGCATCT1260
CATGGCAGTG CGGACCCGTG GCTGGCAGCC CGGGCAGTCC TTTGCAAAGG CACCCCTTGT1320
CTTAAATCA CTTGCTATG TGGGAAAGGT GGAGATACTT TTATATATTT GTATGGGACT1380
CTGAGGAGGT GCAACCTGTA TATATATTG ATTCGTGCTG ACTTTGTTAT CCCGAGAGAT1440
CCATGCAATG ATCTCTTGCT GTCTTCTCTG TCAAGATTGC ACAGTTGTAC TTGAATCTGG1500

CATGTGTTGA CGAAACTGGT GCCCCAGCAG ATCAAAGGTG GGAAATACGT CAGCAGTGGG1560
 GCTAAAACCA AGCGGCTAGA AGCCCTACAG CTGCCTTCGG CCAGGAAGTG AGGATGGTGT1620
 GGGCCCTCCC CGCCGGCCCC CTGGGTCCCC AGTGTTTCGT GTGTGTGCGT TTGTCCTCTG1680
 CTGCCATCTG CCCC GGCTGT GTGAATTCAA GACAGGGCAG TGCAGCACTA GGCAGGTGTG1740
 AGGAGCCCTG CTGAGGTCAC TGTGGGGCAC GGTGCCCACA CGGCTGTCAT TTTTCACCTG1800
 GTCATTCTGT GACCACCACC CCTCCCTC ACCGCCTCCC AGGTGGCCCG GGAGCTGCAG1860
 GTGGGGATGG CTTTGTCTT TGCTCCTGCT CCCC GTGGGA CCTGGGACCT TAAAGCGTTG1920
 CAGGTTCTCTG ATTTGGACAG AGGTGTGGGG CCTTCCAGGC CGTTACATAC CTCCTGCCAA1980
 TTCTCTAACT CTCTGAGACT GCGAGGATCT CCAGGCAGGG TTCTCCCTC TGGAGTCTGA2040
 CCAATTACTT CATTTTGCTT CAAATGGCCA ATTGTGCAGA GGGACAAAGC CACAGCCACA2100
 CTCTTCAACG GTTACCAAAC TGTTTTTGGA AATTCACACC AAGGTCGGGC CCACTGCAGG2160
 CAGCTGGCAC ACGTGGCCCG AGGGGCTGTG GAACGGGTCC CGGAACTGTC AGACATGTTT2220
 GATTTTAGCG TTTCTTTGT TCTTCAAATC AGGTGCCCAA ATAAGTGATC AGCACAGCTG2280
 CTTCCAAATA GCAGAAACCA TAAATAGGA TAAATAGGA TAAATAGGA TAAATAGGA TAAATAGGA
 CACTGTTTTA AACTTGACCC TGATGAAAAT GTGAGCACTG TAGCAGATG CCTATGGGAG2340
 AGGAAAAGCG TATCTGAAAA TGGTCCAGGA CAGGAGGATG AAATGAGATC CCAGAGTCCT2460
 CACACCTGAA TGAATTATAC ATGTGCCTTA CCAGGTGAGT GGTCTTTTCA AGATAAAAAA2520
 CTCTAGTCCC TTAAACGTT TGCCCTGGC GTTTCCTAAG TACGAAAAGG TTTTAAAGTC2580
 TTCGAACAGT CTCCTTTCAT GACTTTAACA GGATTCTGCC CCCTGAGGTG TAATTTTTTT2640
 GTTCTATTTT TTTCCACGTA CTCCACAGCC AACATCACGA GGTGTAATTT TTAATTTGAT2700
 CAGAACTGTT ACCAAAAAAC AACTGTCAGT TTTATTGAGA TGGGAAAAAT GTAAACCTAT2760
 TTTTATTACT TAAGACTTTA TGGGAGAGAT TAGACACTGG AGGTTTTTAA CAGAACGTGT2820
 ATTTATTAAT GTTCAAAACA CTGGAATTAC AAATGAGAAG AGTCTACAAT AAATTAAGAT2880
 TTTTGAATTT GTAAAAGAAA AAAAAGGGGG GGGAGAGGAA GGAGAGAAGA AGAAAAAAA2940
 GACGAAAAAA GAGAAAGTTG TTA

2963

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 154 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 3234 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) Strang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 154 :

CCGCAGAGGG CCGGGGCTAC GGGGCAGCCC CGGGCGATGA GGGGCCGGCG TTGACCGGGA 60
 AGAGCGGGCA CCGCGGCAGT GGCTCCGAGG GGACCCGCGA TGGCAGCGCC CTGAGAGGAG 120

GCTCCAGGCA	GGGCGGGCTG	CGCTGGCAGC	GGCCGCTGAG	GTGCTGGCCG	GCCGGCTGGC	180
TGGCGACGGG	GGCAGAAGCG	ACGAGAGGCG	CGCTCGGCAC	CCGCACCCCC	GTGCCCCCGC	240
CTCAGTTGTC	TAAACTTCGG	GCTCTCTTCC	ACCGTCTGCG	CGCCCAGAGT	CAACAACCTC	300
TTCACCCCCC	TCCGCCCCCG	CCCTTCCCTC	CGTCAGCCCC	GGGAGCTCGC	CGCGGCCCGG	360
GGACCAGGAA	CCTCCAGCGC	TGAGATGTGG	CCGTGAGGCG	TTGGCGGGCG	CCGAGGAGAA	420
GCTCGGCGGC	GTCCCGGGGC	CGGAGGGCCG	TGGGGCCGGG	GCGCAGGGGC	GCGAGCACCC	480
CGCGCCTCTC	CCCCGCCTCC	TCCTGCCGTC	TCCGCCGCTG	CCCCTGCCTT	GCAAGCAGCA	540
GCCGGAGCTG	CCAAGCGTCA	GGGCCGCGGA	GATGTCGTCG	TCGTGCGCCG	CGGCGGGGGC	600
TGCCAGCGCC	GCCATCTCGG	CCTCGGAGAA	AGTGGACGGC	TTCACCCGGA	AATCGGTCCG	660
CAAGGCGCAG	AGGCAGAAGC	GCTCCCAGGG	CTCGTCGCAG	TTTCGCAGCC	AGGGCAGCCA	720
GGCAGAGCTG	CACCCGCTGC	CCCAGCTCAA	AGATGCCACT	TCAAATGAAC	AACAAGAGCT	780
TTTCTGTGAG	AAGTTGCAGC	AGTGTGTAT	ACTGTTTGAT	TTCATGGACT	CTGTTTCAGA	840
CTTGAAGAGC	AAAGAAATTA	AAAGAGCAAC	ACTGAATGAA	CTGGTTGAGT	ATGTTTCAGC	900
TAATCGTGGT	TAATTCCTTC	TATCAGCGTA	TCTGATATA	GTATATATGA	TGAGTGTATA	960
CATCTTCCGT	ACACTTCCCT	CATGTGATAA	TCCAGATTTT	GATCCAGAAG	AGGATGAACC	1020
CACGCTTGAG	GCCTCTTGGC	CTCACATACA	GTTGGTATAT	GAATTCTTCT	TGAGATTTTT	1080
GGAGAGCCCT	GATTTCCAGC	CTAGCATTGC	AAAACGATAC	ATTGATCAGA	AATTCGTACA	1140
ACAGCTCCTG	GAGCTTTTTG	ATAGTGAAGA	TCCCAGAGAA	CGTGACTTCC	TGAAGACTGT	1200
TCTGCACCGA	ATTTATGGGA	AATTTCTTGG	ATTAAGAGCA	TTCATCAGAA	AACAAATTA	1260
CAACATTTTC	CTCAGGTTTN	ATATATGAAA	CAGAACATTT	CAATGGTGTT	GCTGAACTTC	1320
TTGAAATATT	AGGAAGTATT	ATCAATGGCT	TTGCATTGCC	ACTGAAAGCA	GAACATAAAC	1380
AATTTCTAAT	GAAGGTTCTT	ATTCCTATGC	ATACTGCAAA	AGGATTAGCT	TTGTTTCATG	1440
CTCAGCTAGC	NATATTGTGT	TGTANCACTT	CCTGGAGAAA	GATACAACAC	TAACAGAGCC	1500
NAGTNGATCA	GAGGACTGCT	GAAATTTTGG	CCAAAAACCT	GCAGTCAGAA	AGAGGTGATG	1560
TTTTTAGGAG	AAATTGAAGA	AATCTTAGAT	GTCATTGAAC	CAACACAGTT	CAAAAAAATT	1620
GAAGAGCCAC	TTTTCAAGCA	GATATCCAAG	TGTGTATCCA	GTTCTCATTT	TCAGGTGCA	1680
GAAAGGGCAT	TGTACTTNCT	NGGAATAACG	AATATATTCT	TAGTTGNAT	TGAGGAGAAC	1740
ATTGATAAAA	TTCTGCCAAT	TANTGTTTGC	CAGTTTGTAC	AAAATTTNCC	AAAGAACAAT	1800
GGNAATCCGA	CCATTGNTAG	CACTNGGTAT	ACAATGTGCT	GAAAACCTTA	ATGGNAAATN	1860
GAATGGCAAG	CTTTTCGATG	ACCTTACTAG	CTCATACAAA	GCTGAAAGAC	AGAGAGAGAA	1920
AAAGAAGGAA	TTGGAACGTG	AAGAATTATG	GAAAAAATTA	GAGGAGCTAA	AGCTAAAGAA	1980
AGCTCTAGAA	AAACAGAATA	GTGCTTACAA	CATGCACAGT	ATTCTCAGCA	ATACAAAGTC	2040
CGAATAAAAA	AAAAGCCTCC	CACCTCTGCC	GGATAGGCAG	AGNNTTTTGT	ATGCTTTTTT	2100
GAAATATGTA	AAAATTACAA	AACAAACCTC	ATCAGTATAA	TATAATTNAA	AAGGCCAATT	2160
TTTTNCTNGG	CAACTGTNAA	ATGGAAAAAT	ATATNNGGGA	CTAAACGTNA	GCCCTGTGNC	2220
TGTATCATGG	CCATAGTATA	TTGTAACCTT	TGTCTAATCA	TTGGATTTAT	TGTGTCACTT	2280
CTGAAGTTTC	ACAGAAATGA	ATGAATTTTA	TCATCTATGA	TATGAGTGAG	ATAATTATGG	2340
GAGTGGTAAG	AATTATGACT	TGAATTCCTC	TTTGATTGTG	TTGCACATAG	ATATGGNTAG	2400
TCTGCTCTGT	ATATTTTTTC	CTTTTATAAT	GTGCTTTTCA	CACTGCTGCA	ANACCTTAGT	2460
TACATCCTAG	GAAAAAATAC	TTCCTAAAAT	AAAACCTAAG	TATCATCCTT	ACCCNTTCTC	2520
TTTGTCTCAC	CCAGNAAATA	TGATNNGGGG	GGAATTACCT	GCCCTNAACC	CCTCCCTCAA	2580
TAAATACATT	ACTGTACTCT	GGNAATTTAN	GGCAAAACCT	NTAAATCTNN	CCAGGCTTTT	2640
TAAAGNCACA	AAATNATAAA	TAAAAGCTGG	GAAAGTAAAC	CAAAATTCTT	CAGATTGTTT	2700
CTCATGAATA	TCCCCCNTTC	CTCTNGCNAA	TTCTNCCAGA	GTGGTAANCA	GATGGGTAGA	2760
GGCNAGCTCN	AGGTGAATTA	CCCNAGCTTG	CCTNCTNCAA	NTTNCATTCC	NTCCTCTTNC	2820
CTCTNCAAAN	GGCTNGANAG	GCAGGGCCTT	TNCCAGTCCT	CACAACCTGT	CCTTNCANCC	2880
TAGNTCCCTC	CTGANNCCCA	NGGGATGGNA	GGNCTTTNGA	GNTCCACAG	TGTNGGNTGA	2940
TNACAGAGCA	CNTAGTTGTN	CACTGNCCTG	GCTTTATTTA	AAGGAAGTGC	AGTAGGCTTC	3000
CTCTGTAGAG	CTCTGAAAAG	GTTGACTATA	TAGAGGTCTT	GTANTGTTTT	TACTTGGTCA	3060
AGTATTTCTC	ACATCTTTTG	TTATCAGAGT	ACCATTCCNA	ATCTCTTAAC	TTGCAGTTGT	3120
GTGGAAAAC	GTTTTGTAAT	GAAAGATCTT	CATTGGGGGA	TTGAGCAGCA	TTTAATAAAG	3180
TCTATGTTTG	TATTTTGCCT	TAAAAAATAA	AAAAAATAAA	AAGGGGGGTA	GCCA	3234

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 155 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 3080 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 155 :

```
GCGCAGGCGC AGTGGTGAGC GGCAACATGG CGTCCAGGTC TAAGCGGCGT GCCGTGGAAA 60
GTGGGGTTCC GCAGCCGCCG GATCCCCCAG TCCAGCGCGA CGAGGAAGAG GAAAAAGAAG 120
TCGAAAATGA GGATGAAGAC GATGATGACA GTGACAAGGA AAAGGATGAA GAGGACGAGG 180
TCATTGACGA GGAAGTGAAT ATTGAATTTG AAGCTTATTC CCTATCAGAT AATGATTATG 240
ACGGAATTAA GAAATTACTG CAGCAGCTTT TTCTAAAGGC TCCTGTGAAC ACTGCAGAAC 300
TAACAGATCT CTTAATTCAA CAGAACCATA TTGGGAGTGT GATTAAGCAA ACGGATGTTT 360
CAGAGGACAG CAATGATGAT ATGGATGAGC ATGAGGCTTT TGCTTACATA AGCCTTTTAA 420
ATTAACTGA AAGAAAGGGT ACCCAGTGTG TTGAACAAAT TCAAGAGTTG GTTCTACGCT 480
TCTGTGAGAA GAACTGTGAA AAGAGCATGG TTGAACAGCT GGACAAGTTT TTAAATGACA 540
CCACCAAGCC TGTGGGCCCTT CTCCTAAGTG AAAGATTCAT TAATGTCCCT CCACAGATCG 600
CTCTGCCCAT GTACCAGCAG CTTCAGAAAG AACTGGCGGG GGCACACAGA ACCAATAAGC 660
CATGTGGGAA GTGCTACTTT TACCTTCTGA TTAGTAAGAC ATTTGTGGAA GCAGGAAAAA 720
ACAAATCCAA AAAGAAACCT AGCAACAAAA AGAAAGCTGC GTTAATGTTT GCAAATGCAG 780
AGGAAGAATT TTTCTATGAG AAGGCAATTC TCAAGTTCAA CTAAGTCAAGT CAGGAGGAGA 840
GCGACACTTG TCTGGGAGGC AAATGGTCTT TTGATGACGT ACCAATGACG CCCTTGCGAA 900
CTGTGATGTT AATTCCAGGC GACAAGATGA ACGAAATCAT GGATAAACTG AAAGAATATC 960
TATCTGTCTA ACCCATTTCC AATGGACAGT GATGGGCTTG TTTTGTGAAA ATTACCAGAA1020
AACTCAGTGG AGATTTACTG AAAAATCAG ACTTTATTCA GATTAAGTTC CTCTACAAAA1080
AGTAGGGTTC TGTCCCATGT GTCTCTGACA CATTTACAAA ATACCAGTTT TTTAAATTT1140
TGGTCAAATT ATGAGTGGTT GATTTAAAAA CTTTTCCAAG AAGAAGAAAA GCATGGAGTC1200
GTAATTTAAA GAACTCAATA AAAACTTCTA TTTTTTATTT TAAAATAATA TACACAGTGT1260
TATTTTCTTC AAGACCGTCC TGTGGATGTG AAATCCGTCT TCGCGTCATG TATCTCCCAT1320
ATCCAGCAGT TCAGCCATCC AGCTACCTTT GGGACCCTGC TGCACCTTGT GTTTGCTGGG1380
GAGTCACTGG AGAGTGCATC TCTGTTCACT TTCAGGGCAC GTCTCACACA TTTGCTGTTT1440
CTTATTCATT GTTGACACAG GGGATAGGTG ATCCACTACT TGCTGTAGAA TGTCTTACT1500
TTCCTAGGA GGCAGATTAC TGAAATAGTA TTGTGGTACC AGCTGCATAA ATAGTTCAGG1560
AGAGATTTCT GAGGTAATCC TGATGTAGTT GTTCTCAGAA ATGCTGAATT TATGGAAGAG1620
GACCCACTCT GGCATCTTCT TGGTGATTGA GTAACCAGAC AGGGGATGCA GCTGAGCAAC1680
CTGCTTATGT GTCAGCATTG AGTAGTTACC TGATCCATCA ACATCCCGAG CAATCTGCAT1740
AAAGTAACCG GACAGAAGAG CTTTCTTTAT GTTTAGAGTG TTTTCCTTGG AGCCAAAAGC1800
AGGTTCTGCA TAGGGAAGCT CGATTGCTT GATAATTTCT AAGAGTTCAG CTCGAATAAC1860
ATCTGCCATT CTGAGTGCTG AACAGTTGAG GAAGTAATCA CGACACCACT TTTCCACACA1920
```

```

GTAAGTACTG CTAGAATTCA GAGTTGTGTC TTGGTAAGCC TTGTAAATGC TGATGAGGGT1980
AAAGTGATCT CCTTCGGGAT GTAAAAATGT CTTCCAACAA GTCAAGGCAG CCTCTTCAGC2040
TCCATGTGGC ACATGTGAAA AGCAATTTGG AGCTGTTACC ATGGCCGCGA TTGTTAGCAC2100
TTCATCTACA CAGTCAAATT CACAGGACGC TAAGATAGAC TTCGAGAGTT GTGGATCAAG2160
AGGAAACTCT GACATGATGA TTCCAAATTC AGAAAGATTT CCATCATTAT CCAGTGCTGC2220
CAGATAATCT AAGTCTTCCA ATGCCTGCAT CAAACTTTCT GGTGCTGGTC TGTTTCATGAA2280
GTCACAGTGG CCTAGGCCCG CAATGTCTAT CCTCTTCATA AAAAGCACCA TGCTTGTTAG2340
GTTGGCTTCC TGCATTTCTG CTGGCTTCAG TGGCGTCATG TCTTTGGAGG CAAATTCCTC2400
AGTGTACAGG CAGAAAAATT TTCCTGAAGA AGATGAGCCA AGAATCTGCT TCGGTATCTC2460
TGCCTGGCTC TGGCTGATGG GCTGCATGAC GAGCGAGTTT GCTCTTATTC TCGGGTTGTA2520
CACCTTTCTT CTTTCCACAC CCACATCGAT AACAAATCTG ACTGAGTTGC TCCAGATCAA2580
AAACTCTCCA GAGCTAGTAG TTAACACCAC TCTTCTTTGA TAAACTTGGC ATCTTTTTTC2640
TGTTTCATCG AGTGGCTTGA ACAATGAACA TTTCTCTTTT GGATACAAAG GAACAACCAC2700
CAGTTCTCCA CAGTCTGGT TTAGCTTAGA TCTTCTATAG ACAGTTTCAC AGACTTTCTC2760
AATATCTTGT TCACAGCTTGA GAAAGACTAC AATGTCACCT TTCTCACCCG AGTGGTGAAT2820
TTCAAAGATA AGGCGTAAAA TAGACTCAAA AGAATCCTTT TGAGCCTCAC TAAGGTACAC2880
AACCTCCACA GGGTGTATAT TTTTCACTTC TATGACAGGC ACGTTTCCAT AATAAGAATT2940
GAGTTTGCTG ATCAGGTGAG GTGAGGAGTT AATTATGAGC TTCAGTTCTG GTCTTGCTAG3000
TAAAACATCT TTAAGAAGTC CAAGTAACAC ATCAGTTGCA ATGCTTCTTT CATGAATATC3060
ATCTAAGATG ATGACCCCAT

```

3080

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 156 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2407 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 156 :

```

GAGTGAGTGA GTGTGTTGCA TCGAATTAAG GACTCTTGAA GAGAAGAGAG GTCCATTCAG 60
GGTTGTCCAG ATTGAAGTGA GGTCTCACGG TGAAAAGAAA AGGAAAATAT TCAGACTCTC 120
TTGAAATCCA AAGAGCAAGA AGTAAATGAA CTTCTGCAAA AATTCCAGCA AGCTCAGGAA 180
GAAGTTGCAG AAATGAAAAG ATACTCTGAG AGCTCTTCAA AACTGGAGGA AGATAAAGAT 240
AAAAAGATAA ATGAGATGTC GAAGGAAGTC ACCAAATTGA AGGAGGCCTT GAACAGCCTC 300
TCCAGCTCT CCTACTCAAC AAGCTCATCC AAAAGGCAGA GTCAGCAGCT GGAGGCCTG 360
CAGCAGCAAG TCAAACAGCT CCAGAACCAG CTGGCGGAAT GCAAGAAACA ACACCAGGAG 420

```

```

GTCATATCAG TTTACAGAAT GCATCTTCTG TATGCTGTGC AGGGCCAGAT GGATGAAGAT 480
GTCCAGAAAG TACTGAAGCA AATCCTTACC ATGTGTAAAA ACCAGTCTCA AAAGAAGTAA 540
AGTGGATTCC TTGGCAGGAC ACTGCCCCTT GTCATCTGTC TTTGTGTTAG ATCCAGAGTT 600
GTCGGCAGCC GCTGCCATTG TTCTCATTCTG TGGTATGCAC TGTGGCCTAG CGTAGTTCTT 660
CCCTTTCCAA AGGTTTCTGA GGAATTCTCC CAGGAGAAGA CTGCCCCTCT CAGAACTGCT 720
TAGAGACTTC AAACCAGCAG AGGTGAAAGT CCCTGTCATC CCTTCAGATT CCAGAGCTGG 780
GATCAGCCAT GCCCAGAGGT CTGGTCCCTGA TGCTGGCAGG GGGGCCCCCT CCTCCATCCC 840
TGACTGGCTG AGTGGCTTTA TCACCACCGA GTGATGTGCT GAGGCCTCCT GCAGTGAATG 900
CTCCTTCCAT TCCTGTACTC GGGCAGTGCC ATTCAGCACA GGAGAGCTCT TTTTGCCTTT 960
GGCTTTCAAT TCCAAAACAT GATTTAATTT CTAATAAAT TAGTATGGCA CTAGTTATGA1020
AGTATCTGCT TAAAACCTT CATCATGATA TCCTGTGGAT TTAAAAACTC TAATTCCATG1080
TTTTCTTCCC ATCTGCCTTA TATATCTCAT CACCCTGCTT ATCAATATTC AGTTTGATGA1140
GCACTATTAA CTAATAATATG AAACCTAAAA ACAAAGCAA GTTGTCTTAA AAAGTTCTTT1200
TTTTAAGTAA ATTGTGAGCA TACTGCAATG TTTTATATTA ACTTGCCTC CTGCTGTAT1260
CTGTGAAGCT CAGGAAATCC AAACATTTGT GTTCAACAA CGGACAGTAA ACTGTGTGTT1320
TACAGCCAAA AGAAATGCCT CATAGTTCTT AACCTCAACT TTTGTAGAAG TATTTTTTTC1380
TCTGTAATAT TTTTATTGGC TCATAAAGAT GTTTTCATAT CTGAACTCCT AAATAAGTGA1440
AATTACAGTA GATTATATTA ACAAATAACT TTTTAGGTAG CCATGCTTGA GACTTTTTTAA1500
AAATATAACT TTTTCCTTAA AGTTTTTCAGC TATAGCAAAA GGTAGTTATG TATGCCAGAC1560
CTAATATGAG CTGCCACCAA CACCCTAGA ACTTTCAGCC ATGGTGTCTT CAGAATTGA1620
GCGCATTTCT GAATCTAGCA AATCCTCCTT TTACCCGTTG AATGTTTTGA ATGCCCTGAC1680
TCTACCAGCG CCCATAAATG ATCTCTAGAA GGACTGTTAG TACCAATCTG TTTTCAACT1740
TTGAAGCTAA AAACCCTGAT ATGGTAATAT TATGGTGCAT AGCAGAGGTC TCGGAAAAAA1800
AATATTTCTG TTCACCTTAC TTTCAGGTTA AAAATGTTTC TAACACGCTT GCAACTTCCC1860
TTATGGCATT AATCTTGTTG AGGGAGAGAG ACAGAATCCT GGACTCTCCA AAGTATTTAA1920
CTGAAAGTAG GGCCTGCTCT GACAGGGCCC ATGTCCCACA AGGCTGCTTG GCCTCAGTGG1980
GTGCTTGGCT GTGCTGGATG ATATGTTGAT CTGTATTGGA TAAGGACCAA TGACAGCAAA2040
GCAAAAATGG CTTTAAAGCT TGGTGTTACT TTTCTTAAAG TGTTTAATTA TAGTTAAGCA2100
ATTTCAAAAA TGCTCCAAAG AAATGTGAAA GGACCTTTTG TCACAGCACT TCAGAAAATA2160
CACAACAGCC CTTTCTGCCC CCGCACAGAA ATGCTGCAGA GTATATAAAA CTTGAGACAT2220
TTTTGTAGGA TGCCTGACGA GGTGTAGCCT TTTATCTTGT TTCCGGATGC ATATTTATTA2280
CGAGTACTCT GCTTAAATAT TGAAAAGTTT TATGCTGTAG TTTTATAGTAT TTTCTCTTTG2340
TAATTTACAG AAGTTATTGG AGAAAATAAA CTTGTTTCAT TTTGCAAAAA AAAAAAAAAA2400
ATGAAAA

```

2407

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 157 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1625 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 157 :

```

TTTTTTTTTT TTTTTTTTTT TTTTTTTTTT TTTTTTTTTT AGGTCATCTA GTTGATTGT 60
ATCAGAACAA GCAAGGAAAT CCCATAATGT TCTTCAACT GTTTTACCT ATAAGATTTT 120
GCAACCAAAG ACTTTCGGCT AAGATGGCCA CAGGACATTT AACTTGTAAG GGCTAGTATG 180
AAGGTACTAC AGGTATAATG CACATCATCT AGCCCACCAG GAAGGAAATA TGCTTAATAA 240
CTTGCCCCAG GCTGTCCCAG GACAAGGATC TCTAGAGAAA AGACAACCTA CAGACTAGTT 300
GCTTGCTGTT TTCCAAAACA TTTGTTGGAA GAAATCACAT GACACATGTA TCAGGAACAT 360
TTTCTAATTA TGTATATAAA TGGATATGTG ATATGTGTGC TATTGTGTG CTATGTGCT 420
GCTGCTGCTA CTATGTGCTA TCTGGGTCAAT AGTGCATTTT GCATGATCAA AAATGAAGA 480
CCACTGGTTG TCACGAGAGC AGGGAAAAAA AAAAGAATGG GGAAAAATGC ATGACAGAGT 540
CTTTACTTTT AAATGATTAT CGATACACCA AGTAATACAT GTAACAAGTT CTTGAATTCT 600
ATCATCTAGT AATTTTGATT AAGAGAAACT AAAAGCAGCC CAAACAATTC CACTAGTATT 660
CACTGTTCTA ACCATTAGCA AGAATGGACT ACTTTAAGGC TGGCTGCTGC TTCACACAGG 720
TTACAAAGAA CTATTTACTA CTTTTTCATA GATAAAGCCC CTGACCTTCA AGAAAGTGTT 780
AGGGAAAAAA ATTATTTAAT CCCTTCCTTT CTTCAAAGAA TTGTTATGTG GTTTTTTTTT 840
TTTTTAACT AGATCTAAGA AAGAAAAAGT CAACACTGAT ATACATGTTG CTTGAGCCAA 900
AAGACATAGG AAAAAAAGAC AACATATAAC CATTAAATTC CTAAGAAATA TGAGGTAAAA 960
AGATGAAATC TTTAGATAAT TTCTAAGTCT GTACAAAAAA GCTAGATTTG CTACTCTCCA1020
AAAAGTGGAA GGACCTATTA TATAATATAT GGAAATAATT TAATGCCATA TCATAAGAAT1080
GTAAGTAGAG CTGTGCTAAG CTTCATATTC GTGAGGGCAT CTAAATGCC ACTCCACAGC1140
ACAGGTGCTT CTCTCTTCTA TCCATTTATG CGGTAGTTTT CATGGATTTT TGGCCGAATG1200
TCACAGACAA AAGCCAAGAG GTTGTCCAAG ACTTCATCCC TGTTCTGCCG GAAGTATGTC1260
TGGAGGATGG TCATCTTCTC CTGGGTCTCC TTCTCCACTT CAGTGCTGCA ACTGCCACGG1320
GATCCCAATG CCGCAGCTTC CTTGGCCTTG AATTCTTTCT CCCTCTGCAG GCGGTACTGT1380
TCAATTTTCT CTTGAGCTTC TTCTTTGGCC TGCTTCAGCC TCCGGTTCTT TCTTTTGGCG1440
GCCTCGGACA CTTTCTCGGC TGCCCGCTTC TCGGCCTGCA GCAGCTGCTG AATCCCTGAA1500
GACTGACTAG CCATGGGCGG AGCCTTTCTC AGAGCAAGGC AAGCGGCCTA AGGCACCTCG1560
AAGGCCCTT GGGTCAGCTG ACACAGCCGC CCACAATCTG CGCTTGCTCC TTGCGCCTGC1620
CTTCG

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 158 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1402 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 158 :

```

TAAAGCTGCG GCGGCGGTTT GCGTTTCTCG TGTCCGCTTG ACTGACAGCT GCGGCGCGGG 60
AGCGGGCGGC GCGAGCGGGA GCGGCGGCG CAGAGCTTGG GGCTTCCTTG GTCGCACCCA 120
CCACCTGCCT GCCCACTGGT CAGCCTTCAG GGACCCTGAG CACCGCCTGG TCTCTTTCTT 180
GTGGCCAGCC CAGAACTGAA GCGCTGCGCG ATGGCGCGCG CCTGCCTCCA GGCCGTCAAG 240
TACCTCATGT TCGCCTTCAA CCTGCTCTTC TGGCTGGGAG GCTGTGGCGT GCTGGGTGTC 300
GGCATCTGGC TGGCCGCCAC ACAGGGGAGC TTGCGCACGC TGTCTCTTTC CTTCCCGTCC 360
CTGTCTGCTC CCAACCTGGT CATCATCACC GGGCGCTTTC CATCGGCTTCGTG 420
GGCTGCCTGG GTGCCATCAA GGAGAACAAG TGCCTCCTGC TCACCTTCTT CCGGTGCTGC 480
TGGTGTTTCT GCTGGAGGCC ACCATCGCCA TCCTCTTCTT CGCCTACACG GACAAGATTG 540
ACAGGTATGC CCAGCAAGAC CTGAAGAAAG GCTTGACCTT GTACGGCACG CAGGGCAACG 600
TGGGCCCTCAC CAACGCCTGG AGCATCATCC AGACCGACTT CCGCTGCTGT GCGCTCTCCA 660
ACTACACTGA CTGGTTCGAG GTGTACAACG CCACGCGGGT ACCTGACTCC TGCTGCTTGG 720
AGTTCAGTGA GAGCTGTGGG CTGCACGCCC CCGGCACCTG GTGGAAGGCG CCGTGCTACG 780
AGACGGTGAA GGTGTGGCTT CAGGAGAACC TGCTGGCTGT GGGCATCTTT GGGCTGTGCA 840
CGGCGCTGGT GCAGATCCTG GGCCTGACCT TCGCCATGAC CATGTACTGC CAAGTGGTCA 900
AGGCAGACAC CTACTGCGCG TAGGCCGCCC ACCGCCCGCT TCTCTGCCAA AAGGACGCCC 960
ACGGGGAGAT GGCCGCACCC ACAGCTGCCT TTCCCACCAC CAGCCTCGGT GCTCTGCCCC1020
ATGCTGGGAG GAGGGAGGGA GGGACAGGTG CCTGGAGCCC CCGGAACCCT GTTCTGGAA1080
GGCCCTGGCT CAGGTGGCTT CAGGGCTCC GGACCCCCC TGGGAGGGGT GGCCACGTGC1140
TGGCTGCGGA ACCCAGGGCA GGGGTGGGAG GGGCCTCCAG CACTTTTAT ATTTACGTAT1200
TCTCAAAGC AGTGTTTACA CGGGAGCCAG CCTGTGGCCC CCAGCCTCCT GGAAAACAGG1260
TTGGCGCTGG AGGAGCCGGG TCTTGGCATC CTGGAGGTGG CCCCCTGGT CCTGGTGCTC1320
CAGGCGGGGC CGTGGACCCC TCACCTACAT TCCATAGTGG GCCCGTGGGG CTCCTGGTGC1380
ATCTTAATAA AGTGTGAGCA GC

```

1492

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 159 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2159 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 159 :

```

TAGAATATTC ATGTGAGTTC ATTCCTCCCT GCTGAGATTG TTCAGCTCCT CCTTCCCTGC 60
TATACCGACT GGACTTGAAC ACTAAGTCTT CAATAGCTGA GATTCTCCAT CTTAATCTAC 120
TTGGAGGCAA GAGCAGATTG GTTGTTCAT TATGGATGGA GGGGATGATG GTAACCTTAT 180
TATCAAAAAG AGGTTTGTGT CTGAGGCAGA ACTAGATGAA CGGCGCAAAA GGAGGCAAGA 240
AGAATGGGAG AAAGTTCGAA AACCTGAAGA TCCAGAAGAA TGTCCAGAGG AGGTTTATGA 300
CCCTCGATCT CTATATGAAA GGCTACAGGA ACAGAAGGAC AGGAAGCAGC AGGAGTACGA 360
GGAACAGTTC AAATTCAAAA ACATGGTAAG AGGCTTAGAT GAAGATGAGA CCAACTTCCT 420
TGATGAGGTT TCTCGACAGC AGGAACATA AGAAAAGCAA CGAAGAGAAG AAGAACTGAA 480
AGAAGTGAAG GAATACAGAA ATAACCTCAA GAAGGTTGGA ATTTCTCAAG AGAAGCAGAA 540
GAAGTGTGG CAGGCTGTT GAAGCATAAG AGCTCAGAGA GTGGCAACAG TGTGAAAAGA 600
CTGAAACCGG ACCCTGAGCC AGATGACAAG AATCAAGAGC CCTCATCCTG CAAGTCTCTC 720
GGAACACCT CCCTGAGTGG CCCCTCCATC CACTGCCCTT CTGCTGCAGT ATGTATCGGC 780
ATCCTCCCAG GCCTGGGTGC CTACTCTGGG AGCAGCGACT CCGAGTCCAG CTCAGACAGC 840
GAAGGCACCA TCAATGCCAC CGGAAAGATT GTCTCCTCCA TCTTCCGAAC CAACACCTTC 900
CTCGAGGCC CCTAGTTTCT CCGTCCCTAC ACAGGGAGCT CCTCCCAAG GGTAGATCGG 960
ACCGTTTCATG CTGCCATATG GCATTATGTC CCTCAAAAAA AAACCTCCTT GCCTGCATCC1020
TGTGTACAAC ATGACATTTT TAACCAATCC AATCTAAAAA TGTGCCAGAA TCCACCTGTG1080
GCCCCAATCG TGTTTGGTTC CTCTTCTAC TCCACTGCAG ATGACCAAAC CTGTCCCGCT1140
GCCACTTTCC TCACTGATAT TGGGAGGAGG CCAAGGGGTT TGGGTTTAT TGCTTTCTGT1260
GCCCCAGGAG AATAGGCACC GGCTGGCTTG CCAAGGGGTT TGGGTTTAT TGCTTTCTGT1260
TTTTTCTTTT CCCGACAGCA CAAAGAAGTA AGGGCAGTTA TTGGACAGGT GTTATTTAAA1320
CATTCTATTG TAAATGAATG TGTTGTTTGG TTCTACTGCA TTGTGGAGCA TGCGGGGGAA1380
GAGAACTGAC CCAGGTAATG AAATGGAGCC CTTCCCTGGA ACTAACCAGT CTTGATGTT1440
GTGTGACTAA GTAAAGATGA TAAACCCCAT CTGCTGGGGG TGTCACCTCA CACTCGGCAT1500
GCATTGTGAA AGCTTTCCAT ACCCTTGGCC ATTCCCTCTC TCCTCTCTCT CCAACCCCAT1560
TTATGCAGGA AGGGACTGCT AACAAGAACG CTTCCATCTC AAACCTTTTC TCTGCCTGGG1620
AAATTAATTT ATGTTTGTTC TTGAAATAAA GGATTAGTT TAAGATTCTA AATTTTAGAG1680
AAACAAACGT AGGCCTTGT TACTAATAGC CAGACATCAG AACTGCAGGT AGGTATGTTA1740
ATGAGATGAC TTATTTCTGG CAGCTCCTGG AATCCTAATA TTGTAAATGA GTGGACACA1800
CTTGCAATAT GTGACATTC TATTGAGGCC CTTCTCTGTT TAATGCATAT TATACTGTG1860
CTTTTAACTG TGAATCTAT TTCTAACCTA AAGGTGCTGC CCTAGTACTT TTCTTTTGCT1920
GCCTCTGCTG CTCTTTTTC TTTTCCAAAC AGCAAACCTCT GAGGCCATGA GCAGCCAAAA1980
ACTAGAGGTA CTGCTCCACC TCGTCTCATA AAGGGAAACG GGCTCATCCC TTGGATTCTG2040
GAGGAGGGAG AGGGAGATGG TGTGGAGGCT CGAGGACAGA GAGAGACATG AGTTTGACAA2100
CAATCTGTAG GCCGCTGGC TTAGAATAAG CAGTACCTTC TTATCATTCC GCTATTCCC 2159

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 160 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2795 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 160 :

TCACCCGGCT TAGAATATC AAGAAACAT AAGGAGG GCTTSGAGG ATATAGACAG 60
ACATTTTAA CCGCAGACGT TTAAAGGTCT CCAAAGAAAT CTCGGAGTCC ACGGGAGTCC 120
CCCAAGAAGG CCAAGAAGTT AGAAGTCATC ATCGGGAAGC CCCAGGGGTC TTCTAGTTTT 180
GACAGAGAAT TAGAAAGAGA GAAAGAACCC CAGCGACTAG AGCGTGAAGC CAAAGAAAGG 240
GAGAAAGAAC GGCGAAGATC CCGAAGTATT GACCGGGGGT TAGAACGCAG GCGCAGCAGA 300
AGTAGGGAAA GGCATAGAAG TCGCAGTCGA AGTCGTGATA GGAAAGGGGA TAGAAGGGAC 360
AGGGATCGAG AAAGAGAGAA AGAAAATGAG AGAGGTAGAA GACGAGATCG TGACTATGAT 420
AAGGAAAGAG GAAATGAACG AGAAAAGAAA GGTCCAAGGA ACAGAGAAGT AGGGGAGAGG 480
TAGAAGAGAA GAAACATAAA GAAGACAAAG ATGATAGGCG GCACAGAGAT GACAAAAGAG 540
ATTCCAAGAA AGAGAAAAAA CACAGTAGAA GCAGAAGCAG AGAAAGGAAA CACAGAAGTA 600
GGAGTCGAAG TAGAATGCA GGGAAACGAA GTAGAAGTAG AAGCAAAGAG AAATCAAGTA 660
AACATAAAAA TGAAAGTAAA GAAAAATCAA ATAAACGAAG TCGAAGTGGC AGTCAAGGAA 720
GAACTGACAG TGTTGAAAAA TCAAAAAAAC GGGAACATAG TCCCAGCAA GAAAAATCTA 780
GAAAGCGTAG TAGAAGCAAA GAACGTTCCC ACAAACGAGA TCACAGTGAT AGTAAGGACC 840
AGTCAGACAA ACATGATCGT CGAAGGAGCC AAAGTATAGA ACAAGAGAGC CAAGAAAAAC 900
AGCATAAAAA CAAAGATGAG ACTGTGTGAA AATATTTTGT AAAAGTGGAT CACATTGAAT 960
CCTATAAATG ATTAAATCTG CTTTTTTCCC CCACGTTGAG ATTGTGCAGT AGTTCGCACT1020
CCTCAAGCTC TCCCTGTAGG CTGCATTTTC ATTTCTCTTT TCGTGTAGGG AAGTGCCTTT1080
GTAATTCCTT TATTGCTTT GGTGTTTCTT CCAATTGTT AAGTTTGATA CATGATGCAC1140
AGATTGTTCT TGCATTTTAA TTGTTTGTGT TTGAAATGTA CAGTCTGTAC ATATGTCCTG1200
AAAATGTTTT AATTCCTTTG GCATGGTTGC CATGTTGGTT AAATTTGTAT AAGGCAATAA1260
ACTGCCACTA ATCTATTTT GTTTTGTAGG TGTGGGATTA TGGTTTGTGT ACTGAAGTTA1320
GCATGGCTGT GCTTTTCGTA ATAGAATGCT AAAGACTTTG AGAATGGATC TTGGATGTCT1380
ATTATAGGAG AAGTATGTGC TGCCAATGTA CAAGAAGGCA GCATTGTAGG ATTAACATTC1440
TTGTCTACTG TATATTATCT TGGAAAGGCTC TTGTTAATAT GTTACACTTA ATATTCTCCA1500
CAGTTACCTT TAGAGAGAAT TTATGAGAAG TTAGTTTCTG ATGCAGAGGT TTTTAGGCTG1560
TGATTTTCATC AAAAGTCCTT TTAGCATTCT ACCTCAAAGG GACACTTAGT ATGCCATAAA1620
TTTATTCACT TAGTTTTCTT TTTTATTTG AAAAAATACA TGACATGTAA TCTTTTTTTC1680
TTGAATTCCT TCTCAGATTT TAAAGTACTA TATTAAAGAA AAAAAATTAAT GTCTAAAGCC1740
TAGCATTCTT GCAGAACCCT ATACTAACAT GTAATGGGGA GAGGGTGGGG CAGATGAGTA1800
GAGAAACAGA TTCAAGCCTC AAGCTTCCAA AGCATTTTTA TAAATGGAAA ATCCTTAAAT1860
TATGAAACAG CTTGATATAG TGTCTTTTTT TTAAAATTCA GAACTTTTTT TATTGATAAT1920
GGAGATTGCT GTTTGAGTTT TTAAACTTAA TCTAGAACAG AGGAGTATTA AAAGTAATGC1980
TGTGCTGCAT TATTTAAGAC TATCAGCAAA TTATTTGATA GATTGTTCTT ACAACTTGTA2040
TTCTGATTAC AGAACCATCA TGAGTGTGGA ATAAATACTG GATTAAATCC TTTATCCTGG2100
GTCTTGGCTT TTCCCCCATT TGTTAAATTT TTTTAGCATA TTTATATTGT GGAAATTGAT2160
GAAACGTCAG TAGAGTCACA CTTTGTGTAC AGGGATGTCT TAGTGCCAG ATGACAAGTG2220
AATTTTGGAG AAATGCATAG ACTGGGATTG GGCATGTGGT AATCAATAAT CTTTATTAGA2280
ATACTTGATA ATGGCAGTTC CTTTGTCTAG TGGTTGTTAC ATGTGTCATT TGATTACTTT2340
GTTCCATGTC AAAGACGTTT ATTGGGATAC CTTTACTTG GACAATATGT TAGCATTTTT2400
TAAAATTTGG ACTTGAAATT CTTTAAGATA AGTCACCCAA TTCTTTTTAG AAAAGAAAAAT2460
AGAGGCCCAA AGTAATGATG TCAGTGCTAG GGCTAAACT CAGTATTCTG ACAGTGTAGT2520
GAACCTGGCA CGCACATTGA GGTGTGTTTT ATCTCACTGG TTATACTGGC CAACTAATGC2580
GCACTCAGAA GCCACCTTGC AAAAAATGTTA AATGGAGCAA ACGAGTACAC TTGCAAGAGT2640

CCTCCATATG TGGGCTTAAC ATATGTACCA CTCCATTTTA GAAAAATCTC ATTAAATGAA2700
 TTCTTCTAAA AATGATATGC TTTTCTCTT TTTAAGAAAA TTCCTTTGTC TTTTAAATTG2760
 AGCATCAAGT GAATTAGTGC TATAGACACC CAGAA 2795

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 161 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1711 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜL TYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Edierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 161 :

TCGGCGAGCA	ACGCTGGAGC	ATCCCGCTCT	GGTGCCGCTG	CAGCCGGCAG	AGATGGTTGA	60
GCTCATGTTT	CCGCTGTTGC	TCCTCCTTCT	GCCCTTCCTT	CTGTATATGG	CTGCGCCCCA	120
AATCAGGAAA	ATGCTGTCCA	GTGGGGTGTG	TACATCAACT	GTTTCTGCTT	CTGGGAAAGT	180
AGTTGTGGTC	ACAGGAGCTA	ATACAGGTAT	CGGGAAGGAG	ACAGCCAAAG	AGCTGGCTCA	240
GAGAGGAGCT	CGAGTATATT	TAGCTTGCCG	GGATGTGGAA	AAGGGGGAAT	TGGTGGCCAA	300
AGAGATCCAG	ACCACGACAG	GGAACCAGCA	GGTGTGGTGT	CGGAAACTGG	ACCTGTCTGA	360
TACTAAGTCT	ATTCGAGCTT	TTGCTAAGGG	CTTCTTAGCT	GAGGAAAAGC	ACCTCCACGT	420
TTTGATCAAC	AATGCAGGAG	TGATGATGTG	TCCGTACTCG	AAGACAGCAG	ATGGCTTTGA	480
GATGCACATA	GGAGTCAACC	ACTTGGGTCA	CTTCCTCCTA	ACCCATCTGC	TGCTAGAGAA	540
ACTAAAGGAA	TCAGCCCCAT	CAAGGATAGT	AAATGTGTCT	TCCCTCGCAC	ATCACCTGGG	600
AAGGATCCAC	TTCCATAACC	TGCAGGGCGA	GAAATCTTAC	AATGCAGGCC	TGGCCTACTG	660
TCACAGCAAG	CTAGCCAACA	TCCTCTTCAC	CCAGGAACTG	GCCCGGAGAC	TAAAAGGCTC	720
TGGCGTTACG	ACGTATTCTG	TACACCCCTG	CACAGTCCAA	TCTGAACTGG	TTCGGCACTC	780
ATCTTTCATG	AGATGGATGT	GGTGGCTTTT	CTCCTTTTTC	ATCAAGACTC	CTCAGCAGGG	840
AGCCCAGACC	AGCCTGCACT	GTGCCCTAAC	AGAAGGTCTT	GAGATTCTAA	GTGGGAATCA	900
TTTCAGTGAC	TGTCATGTGG	CATGGGTCTC	TGCCCAAGCT	CGTAATGAGA	CTATAGCAAG	960
GCGGCTGTGG	GACGTCAGTT	GTGACCTGCT	GGGCCTCCCA	ATAGACTAAC	AGGCAGTGCC	1020
AGTTGGACCC	AAGAGAAGAC	TGCAGCAGAC	TACACAGTAC	TTCTTGTCAC	AATGATTCTC	1080
CTTCAAGGTT	TTCAAAACCT	TTAGCACAAA	GAGAGCAAAA	CCTTCCAGCC	TTGCCTGCTT	1140
GGTGTCCAGT	TAAAACTCAG	TGTACTGCCA	GATTCGTCTA	AATGTCTGTC	ATGTCCAGAT	1200
TTACTTTGCT	TCTGTTACTG	CCAGAGTTAC	TAGAGATATC	ATAATAGGAT	AAGAAGACCC	1260
TCATATGACC	TGCACAGCTC	ATTTTCCTTC	TGAAAGAAAC	TACTACCTAG	GAGAATCTAA	1320
GCTATAGCAG	GGATGATTTA	TGCAAATTTG	AACTAGCTTC	TTTGTTTACA	ATTCAGTTCC	1380
TCCCAACCAA	CCAGTCTTCA	CTTCAAGAGG	GCCACACTGC	AACCTCAGCT	TAACATGAAT	1440

AACAAAGACT GGCTCAGGAG CAGGGCTTGC CCAGGCATGG TGGATCACCG GAGGTCAGTA1500
GTTCAAGACC AGCCTGGCCA ACATGGTGAA ACCCCACCTC TACTAAAAAT TGTGTATATC1560
TTTGTGTGTC TTCCTGTTTA TGTGTGCCAA GGGAGTATTT TTCACAAAGT TTCAAAACAG1620
GCCACAATTA ATTCAGGAGT TGGGAGGGAA AACCAGTGGC CATTCCAGTC TTTTGGCAA1680
TGGAAATGGG TGGGCGAAGG GGTGTCGGT T 1711

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 162:

- (A) LÄNGE: 271 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 162

RXGCPRXMPX AKSXXVXXTL GXLXPXPGXG LPNXXSEXRX CRAXWRXLDP RXLQMLXSPC 60
SPAXXGPAPP AGRXFXRGXA AXHAXPXXPR SLRASASRAQ SPACXLVVVC ASXILASXVL 120
XXSSRNASSS LSVRLADCAX VPQVNHGGLL ELSLSAVALV ADPAQAVQAX GWXLRSFSXX 180
XSVVXCAGR XPLXVAXGXE GLXXRSRGIS SVLLXGLXAG RCTRELSLCD AGTPARACPX 240
SSPENFPEXL RLVPTAFPAW GHPXPVXPGC H 271

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 163:

- (A) LÄNGE: 182 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 163

LTCGTXAQSA NLTDKELEAF REEXXSTFEA KIXEAXTTTR XXAGDCAREA EARRERGXXG 60
XACXAAXPRX KXRPAGGAGP KXAGLHGEYS ICRXLGRXL XXARXQRXSE XXLGPXPGX 120
GXRXPVXXT XXLLAXGIXR GQXPXQGGWG WHXVSRQEGX VSGDXQPLPS RHXGLVVVAI 180

WV

182

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 164:

- (A) LÄNGE: 176 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 164

```
PVGPXRSPT SRTRSWRRSG RSXXAXSKPK SXKHXPPEX XLEIAHEKLR HAESVGRXAX 60
RVEPXSRXXS XALLEGDXR XLGYTVXEAS AGXCPAGXSX ELGXNEXLXG XWGXPSPAXE 120
XGXXAXXGPX GSWPVAFXVD SPAVRVAGAG TGCGRKDXF LVTCSRCDRD TXAWWW 176
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 165:

- (A) LÄNGE: 113 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 165

```
IPEDPHIDES KAKHQAIIMS TSLRVSPSIH GYHFDASRK KAVGNIFENT DQESLERLFR 60
NSGDKKAEER AKIIFAIQD VEEKTRALMA LKKRTKDKLF QFLKLRKYSI KVH 113
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 166:

- (A) LÄNGE: 100 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 166

MQHFAATLQ ASLLSGLQRL ERDRDWKGTR TEQTYGYKDSK QPHALCCYRG EQNAFSKDLK 60
TLPSLQERID ADRRAWTDVM RTKENRWLEM TFIQGHFVRP 100

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 167:

(A) LÄNGE: 91 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 167

GSSKMLHLL E SHKLTWSLNV HSWITSLSIL FSSVNF DGIF PQFQKLEKLV FCPLLQGHQG 60
TRFLLHILIIY GKNDLGSLLC FLVSRVSEEP F 91

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 168:

(A) LÄNGE: 141 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 168

SLALDQMAY KALDTSSLVG EQVTSYLTKK FAELRSPNEF KVYMGHGGKP WVSDFSHPHY 60
LAGRRAMKTV FGVEPDLTRE GGSIPVTLTF QEATGKNVML LPVGSADDGA HSQNEKLNRY 120
NYIEGTKMLA AYLVEVSQLK D 141

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 172:

(A) LÄNGE: 389 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 172

SVLFCPLHHP HPPPSGVCAA AAVAAAAAAA ARPVVTPTRG SLFPLLDLLS FFVEEASMG 60
QFSKTAAKGE AAAERPGEAA VASSPSKANG QENGHVTVNG DASFAAESG AKEELQANGS 120
APAADKEEPA AAGSGAASPS SAEKGEPAAA AAPEAGASPV EKEAPAEGEA AEPGSATAAE 180
GEAASAASST SSPKAEDGAT PSPSNETPKK KKKRFSFKKS FKLSGFSFKK NKKEAGEGGE 240
AEAPAAEGGK DEAGGAAAA AAEAGAASGE QAAAPGEEAA AGEEGAAGGD PQEAKPQEEA 300
VAPEKPPASD ETKAAEPSK VEEKKAEAG ASAAACEAPS AAGPGAPPEQ EAAPAEEPAA 360
AAASSACAAP SQAQPECSP EAPPAAEAE 389

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 174:

(A) LÄNGE: 238 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 174

GAATESQTRP SCPGAARIPL ATIPTQIASC PWMSRAALTP PHTRQTARTM GWELRKNCTR 60
PGAPSTAPPK GTLWPTTFRP AGPTQSLAES DSEDPSGKPR LKVETKVSVE LHREEQGS HR 120
GEYPPEPGER GRTGLASSQP PEQRKGILKN KVTYPPPLTL TEQTLKGRLR EKLADCEQSP 180
TSSRTSSLGS GGPDCAITVK SPGREPGRDH LNGVAMNVRT GSAQADGSDS EGSNETSI 238

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 175:

(A) LÄNGE: 225 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 175

SFITA FRVGA IGLGAPSAHI HGHPVEVVTP RLPPRALDCD GAVGAARAQG RRARGCGALL 60
TVGQLLPEPA LQRLLRQRQR RRVGDFIFQD AFPLLWGLAA SKPCAPPLSW FRGVLSTVTA 120
LLAVQLHAD LGLHLQAGLA AGVLTVTLSQ ALGRASRPER GWPQRPLWGC CGRRPWPGPI 180
FPQLPPHRPR CLTSVRRRKS CSAHPGTARY LSRNRGQGDG CSSWA 225

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 177:

(A) LÄNGE: 344 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 177

TSGSLPPSAR PESTTSSPPS APALPSVSPG SSPRPGDQEP PALRCGREAL AGAEKLGGV 60
PGPEGRGAGA QGREHPAPLP RLLLPSPPLP VPCKQQPELP SVRAAEMSSS SPPAGAASAA 120
ISASEKVDGF TRKSVRKAQR QKRSQGSSQF RSQGSQAEHL PLPQLKDATS NEQQELFCQK 180
LQCCILFDF MDSVSDLKSK EIKRATLNEL VEYVSTNRGV IVESAYS DIV KMISANIFRT 240

LPPSDNPDEFD PEEDEPTLEA SWPHIQLVYE FFLRFLESPD FQPSIAKRYI DQKQVQQLLE 300
LFDSEDPRE R DFLKTVLHRI YGKFLGLRAF IRKQINNIFL RFXI 344

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 178:

- (A) LÄNGE: 178 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 178

QKSSCCSFEV ASLSWGS GCS SAWLPWLRNC DEPWERFCLC ALRTDFRVKP STFSEAEMAA 60
LAAPAGGDDD DISAALT LGS SGCCLOGTGS GGDGRRRRGR GAGCSRPCAP APRPSGPGTP 120
PSFSSAPANA SRPHLSAGGS WSPGRGELPG LTEGRAGAEG GEEVVD SGRA DGGREPEV 178

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 179:

- (A) LÄNGE: 153 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 179

DVAVRRWRAP RRSSAASRGR RAVGPGRGA STPRLS PASS CRLRRCPCLA SSSRSCQASG 60
PRRCRRRRRR RGLPAPPSRP RRKWTASPGN RSARRRGRSA PRARRSFAAR AARQSCTRCP 120
SSKMPLQMN N KSFSVRSCSS VVYCLISWTL FQT 153

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 180:

- (A) LÄNGE: 564 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(2) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 180

GVIILDDIHE	RSIATDVLLG	LLKDVLLARP	ELKLIINSSP	HLISKLNSYY	GNVPVIEVKN	60
KHPVEVVYLS	EAQKDSFESI	LRLIFEIHHS	GEKGDIVVFL	ACEQDIEKVC	ETVYQGSNLN	120
PDLGELVVVP	LYPKEKCSLF	KPLDETEKRC	QVYQRRVLT	TSSGEFLIWS	NSVRFVIDVG	180
VERRKVYNPR	IRANSLVMQP	ISQSQAIRK	QILGSSSSGK	FFCLYTEEFA	SKDMTFLKPA	240
EMQEANLTSM	VLFMKRIDIA	GLGHCDFMNR	PAPESLMQAL	EDLDYLAALD	NDGNLSEFGI	300
IMSEFPLDPQ	LSKSILASCE	FDCVDEVLT	AAMVTAPNCF	SHVPHGAEEA	ALTCWKTFLLH	360
PEGDHFTLIS	IYKAYQDTTL	NSSSEYCVK	WCRDYFLNCS	ALRMADVIRA	ELLEIIKRIE	420
LPYAEPAFGS	KENTLNIKKA	LLSGYFMQIA	RDVDGSGNYL	MLTHKQVAQL	HPLSGYSITK	480
KMPEWVLFHK	FSISENNYIR	ITSEISPELF	MQLVPQYYFS	NLPPSESKDI	LQQVVDHLSP	540
VSTMNKEQQM	CETCPETEQR	CTLQ				564

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 183:

(A) LÄNGE: 187 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 183

KLNHVLELKA	KGKKSSPVLN	GTARVQEWKE	HSLQEASAHH	SVVIKPLSQS	GMEEGAPLPA	60
SGPDLWAWLI	PALESEGMTG	TFTSAGLKSL	SSSEAGSLLL	GEVLRNLWKG	KNYARPQCIP	120
RMRTMAAAD	NSGSNTKTDD	KGQCPAKEST	LLLLRLVFTH	GKDLLQYFLD	IFIHLALHSI	180
QKMHSVN						187

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 184:

(A) LÄNGE: 148 Aminosäuren
(B) TYP: Protein

- (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 185

```
KEKENIQTLT KSKEQEVNEL LQKFQQAQEE LAEMKRYSES SSKLEEDKDK KINEMSKEVT 60
KLKEALNSLS QLSYSTSSSK RQSQQLEALQ QQVKQLQNQL AECKKQHQEV ISVYRMHLLY 120
AVQGQMDQEDV QKVLKQILTM CKNQSQKK 148
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 185:

- (A) LÄNGE: 103 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 185

```
MISRRTVSTN LFFNFEAKNP DMVILWCIAE VSEKKYFCSL YFQVKNVSNT LATSLMALIL 60
LRERDRIILDS PKYLTERAC SDRAHVPQGC LASVGAWLCW MIC 103
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 187:

- (A) LÄNGE: 129 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 187

AACLALRIAA AMASQSQGIQ QLLQAEKRAA EKVSEARKRK NRRLKQAKEE AQAEIEQYRL 60
QREKEFKAKE AAALGSRGSC STEVEKETQE KMTILQTYFR QNRDEVLDNL LAFVCDIRPE 120
IHENYRING 129

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 190:

(A) LÄNGE: 293 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 190

LTAARRERAA RAGGGGAELG ASLVAPTTCL PTGQPSGTLT TAWSLSCGQP RTEALRHGAR 60
LPPGRQVPHV RLQPALLAGR LWRAGCRHLA GRHTGELRHA VLFLPVPVGC QPAHHHRRLC 120
HGHRRLGLPG CHQGEQVPPA HFLPVLLVFL LEATIAILFF AYTDKIDRYA QQDLKKGLHL 180
YGTQGNVGLT NAWSIQTD F RCGVSNYTD WFEVYNATRV PDSCCLEFSE SCGLHAPGTW 240
WKAPCYETVK VWLQENLLAV GIFGLCTALV QILGLTFAMT MYCQVVKADT YCA 293

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 192:

(A) LÄNGE: 168 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 192

STWRQEQIGC FIMDGGDDGN LIIKKRFVSE AELDERRKRR QEEWEKVRKP EDPEECPEEV 60
YDPRSLYERL QEQRDRKQOE YEEQFKFKNM VRGLDEDET N FLDEVSRQOE LIEKQRREEE 120
LKLKEYRNN LKKVGISQEN KKEVEKKLTV KPIETKNKFS QAKCWQEL 168

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 193:

- (A) LÄNGE: 136 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 193

PQEGWNFSRE QEGSGKETDC EAYRNQEQVL PGEVLAGAVK HKSSSESGNSV KRLKPDPEPD 60
DKNQEPSSCK SLGNTSLSGP SIHCPSAAVC IGILPGLGAY SGSSDSESSS DSEGTINATG 120
KIVSSIFRTN TFLEAP 136

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 194:

- (A) LÄNGE: 134 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 194

WCLRCLSWTR SRCQSRRHPG LGGCRYILQQ RGSQWRGHSG RCFRETCRMR ALDSCHLAQG 60
PVSVFHCCH SLSSYASQLL PTLRLGELVL GFYRLHSQFL FHLLVLLRN SNLLEVISVF 120
LQFFQFFFSS LLFY 134

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 195:

- (A) LÄNGE: 179 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 195

LPLRLRLFD F SLLSFLCLLD FSLLLLLLRF PAFLLRLLLL CFLSLLLLLL CFFSFLESLL 60
SSLCRLSSLS SLCFFSSTSP LLLCSLDLSF LVHFLFPYHS HDLVFYLSHF LSLFLDPCPF 120
YPLSYHDFDC DFYAFPYFCC ACVLTPGQYF GIFAFLSPFL WLHALVAGVL SLFLILCQN 179

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 196:

- (A) LÄNGE: 165 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 196

IFLCWDYVPV FLIFQHCQFF LDCHFDFVYL IFLYFHFYVY LISLCFYFYF VSLHIFYFDSY 60
FCVSFLCFCF YCVFSLSWNL FCHLCAAYHL CLLYVSSLLP LPYFSVPWTF LFSFISSFLI 120
IVTISSSTSL IFFLSFSIPV PSIFFPITTS TATSMFPPTS AAPAF 165

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 197:

- (A) LÄNGE: 163 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 197

```
TRKERSKEQR SRGEVEEKKH KEDKDDRRHR DDKRDSKKEK KHSRSRSRER KHSRSRSRN 60
AGKRSRSRSK EKSSKHENE KPKSNKPSRS GSGRTDSVE KSKKDEHSQ KENTTENSRS 120
KERSHKRDHS DSKDQSDKH DRRSSECEQ EQEKQHKND ETV 163
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 198:

(A) LÄNGE: 335 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 198

```
RRATLEHPAL VPLQPAEMVE LMFPLLLLLL PFLLYMAAPQ IRKMLSSGVC TSTVQLPGKV 60
VVVTGANTGI GKETAKELAQ RGARVYLACR DVEKGELVAK EIQTITGNQQ VLVRLDLSD 120
TKSIRAFAG FLAEKHLHV LINNAGVMC PYSKTADGFE MHIGVNLGH FLLTHLLEK 180
LKESAPSRIV NVSSLAHHLG RIHFHNLQGE KFYNAGLAYC HSKLANILFT QELARRLKGS 240
GVTTYSVHPG TVQSELVRHS SFMRWMMWLF SFFIKTPQQG AQTSLHCALT EGLEILSGNH 300
FSDCHVAWVS AQARNETIAR RLWDVSCDLL GLPID 335
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 201 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1712 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 201 :

```

gtggcagaaa acctcatgac acaatctctc cgcctccctg tgttggtgga ggatgtctgc 60
agcagcattt aaattctggg agggcttggt tgtcagcagc agcaggagga ggcagagcac 120
agcatcgtcg ggaccagact cgtctcaggc cagttgcagc cttctcagcc aaacgccgac 180
caaggaaaac tcactaccat gagaattgca gtgatttgct tttgcctcct aggcacacc 240
tgtgccatac cagttaaaca ggctgattct ggaagtctcg aggaaaagca gctttacaac 300
aaatacccag atgctgtggc cacatggcta aaccctgacc catctcagaa gcagaatctc 360
ctagccccac agaattgctgt gtctcttgaa gaaaccaatg actttaaaaca agagaccctt 420
ccaagtaagt ccaacgaaag ccatgaccac atggatgata tggatgatga agatgatgac 480
gaccatgtgg acagccagga ctccattgac tcgaacgact ctgatgatgt agatgacact 540
gatgattctc accagtctga tgagtctcac cattctgatg aatctgatga actggtcact 600
gattttccca cggacctgcc agcaaccgaa gttttcactc cagttgtccc cacagtagac 660
acatatgatg gccgaggtga tagtgtggtt tatggactga ggtcaaaatc taagaagttt 720
cgcagacctg acatccagta ccctgatgct acagacgagg acatcacctc acacatggaa 780
agcgaggagt tgaatggtgc atacaaggcc atccccgttg cccaggacct gaacgcgcct 840
tctgattggg acagccgtgg gaaggacagt tatgaaacga gtcagctgga tgaccagagt 900
gctgaaaccc acagccacaa gcagtccaga ttatataagc ggaaagccaa tgatgagagc 960
aatgagcatt ccgatgtgat tgatagtcag gaactttcca aagtcagcgg tgaattccac 1020
agccatgaat ttcacagcca tgaagatag ctggttgtag accccaaaag taaggaagaa 1080
gataaacacc tgaattttcg tatttctcat gaattagata gtgcatcttc tgaggtcaat 1140
taaaaggaga aaaaatacaa tttctcactt tgcatttagt caaaagaaaa aatgctttat 1200
agcaaaatga aagagaacat gaaatgcttc tttctcagtt tattggttga atgtgtatct 1260
atgtgagtct ggaaataact aatgtgtttg ataattagtt tagtttggtg cttcatggaal 1320
actccctgta aactaaaagc ttcagggtta tgtctatggt cattctatag aagaaatgcal 1380
aactatcact gtattttaat atttgttatt ctctcatgaa tagaaattta tgtagaagcal 1440
aacaaaatac ttttaccac ttaaaaagag aatataacat tttatgtcac tataatcttt 1500
tgttttttaa gttagtgtat attttgttgt gattatcttt ttgtggtgtg aataaatctt 1560
ttatcttgaa tgtaataaga atttggtggt gtcaattgct tatttgtttt cccacggttg 1620
tccagcaatt aataaaacat aaccttttt actgcctaaa aaaaaaaaga gaaaagaaaa 1680
aaaagaaaag aaaaaaagg gagggaggg ag

```

1712

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 202 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1610 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(X) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 202:

```

caggaggaat tctatgcctg acgcgggagc catgcgcccc ctccgccctg ccactcacta 60
gcatcttggg ggggtggccg ctgagtgga ggggacagga gtccactttg ttctgtgggg 120
aggtctaate tagatatcga cttgtttttg cacatgtttc ctctagttct ttgttcatag 180
cccagtagac cttgttactt ctgaggttaag ttaagtaagt tgattcggta tcccccatc 240
ttgcttccct aatctatggt cgggagacag catcagggtt aagaagactt tttttttttt 300
tttaactag gagaaccaa tctggaagcc aaaatgtagg cttagtttgt gtgttgtctc 360
ttgagtttgt cgtcatgtg tgcaacagg tgcaacagg tatggactat ctgtctgggtg gccccgtttc 420
tggtggtctg ttggcaggct ggccagtcca ggctgccgtg gggccgccgc ctctttcaag 480
cagtcgtgcc tgtgtccatg cgctcagggc catgctgagg cctgggccgc tgccacgttg 540
gagaagcccg tgtgagaagt gaatgctggg actcagcctt cagacagaga ggactgtagg 600
gagggcggca ggggcctgga gatectcctg cagaccacgc ccgtcctgcc tgtggcgccg 660
tctccagggg ctgcttcctc ctggaaattg acgaggggtg tcttgggcag agctggctct 720
gagcgcctcc atccaaggcc aggttctccg ttagctcctg tggccccacc ctggggcctg 780
ggctggaatc aggaatattt tccaaagagt gatagtcttt tgcttttggc aaaactctac 840
ttaatccaat gggtttttcc ctgtacagta gattttccaa atgtaataaa cttaatatata 900
aagtagtcc tgaatgcca ctgccttcgc ttcttgcctc tgtgctgtgt gtgacgtgac 960
cggacttttc tgcaaacacc aacatgtttg gaaacttggc tcgaatctct gtgccttcgt 1020
ctttcccatg gggagggatt ctggttccag ggtcccctct tgtatttgct tttttgtttt 1080
ggctgaaatt ctctggagg tcggtagggt cagccaaggt ttataaaggc tgatgtcaat 1140
ttctgtgttg ccaagctcca agccccatct tctaaatggc aaaggaaggt ggatggcccc 1200
agcacagctt gacctgaggc tgtggtcaca gcggaggtgt ggagccgagg cctacccccgc 1260
agacaccttg gacatcctcc tcccaccgg ctgcagaggc cagaggcccc cagcccaggg 1320
ctcctgcact tacttgctta tttgacaacg tttcagcgac tccgttggcc actccgagag 1380
gtgggccagt ctgtggatca gagatgcacc accaagccaa gggaacctgt gtccggtatt 1440
cgatactgcg actttctgcc tggagtgtat gactgcacat gactcggggg tggggaaagg 1500
ggtcggctga ccatgctcat ctgctggtcc gtgggacggt gcccaaacca gaggctgggt 1560
tcatttgtgt aacgacaata aacggtactt gtcatttcgg gcaaaaaaaa 1610

```

Patentansprüche

1. Eine Nukleinsäure-Sequenz, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodiert, umfassend
 - a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe Seq. ID No 3, 7, 9, 15, 17, 18, 21, 25, 27, 33, 35, 36, 38, 39, 40, 42, 43, 44, 46, 47, 48, 50, 51, 52, 53, 54, 55, 57, 58, 59, 61, 62, 63, 65, 66, 67, 150-153, 156-158, 160-161
 - b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen
 - oder
 - c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.
2. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq. ID No 3, 7, 9, 15, 17, 18, 21, 25, 27, 33, 35, 36, 38, 39, 40, 42, 43, 44, 46, 47, 48, 50, 51, 52, 53, 54, 55, 57, 58, 59, 61, 62, 63, 65, 66, 67, 150-153, 156-158, 160-161 oder eine komplementäre oder allelische Variante davon.
3. Nukleinsäure-Sequenz Seq. ID No 2-67, 149-161, 201-202, dadurch gekennzeichnet, daß sie in Brusttumorgewebe erhöht exprimiert sind.
4. BAC, PAC und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID No 2-67, 149-161, 201-202, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.
5. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 90% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
6. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 95% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
7. Eine Nukleinsäure-Sequenz, umfassend einen Teil der in den Ansprüchen 1 bis 6 genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 6 hybridisieren.

8. Ein Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp aufweist.
9. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 150 bis 4000 bp aufweist.
10. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodiert.
11. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, zusammen mit mindestens einer Kontroll- oder regulatorischen Sequenz.
12. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß Anspruch 11, worin die Kontroll- oder regulatorische Sequenz ein geeigneter Promotor ist.
13. Eine Expressionskassette gemäß einem der Ansprüche 11 und 12, dadurch gekennzeichnet, daß die auf der Kassette befindlichen DNA-Sequenzen ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.
14. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 10 zur Herstellung von Vollängen-Genen.
15. Ein DNA-Fragment, umfassend ein Gen, das aus der Verwendung gemäß Anspruch 14 erhältlich ist.
16. Wirtszelle, enthaltend als heterologen Teil ihrer exprimierbaren genetischen Information ein Nukleinsäure-Fragment gemäß einem der Ansprüche 1 bis 10.
17. Wirtszelle gemäß Anspruch 16, dadurch gekennzeichnet, daß es ein prokaryontisches oder eukaryontische Zellsystem ist.
18. Wirtszelle gemäß einem der Ansprüche 16 oder 17, dadurch gekennzeichnet, daß das prokaryontische Zellsystem E. coli und das eukaryontische Zellsystem ein tierisches, humanes oder Hefe-Zellsystem ist.

19. Ein Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids oder eines Fragments, dadurch gekennzeichnet, daß die Wirtszellen gemäß den Ansprüchen 16 bis 18 kultiviert werden.
20. Ein Antikörper, der gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet ist, welches von den Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No 2-67, 149-161, 201-202 kodiert wird, das gemäß Anspruch 19 erhältlich ist.
21. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20, dadurch gekennzeichnet, daß er monoklonal ist.
22. Polypeptid-Teilsequenzen, gemäß den Sequenzen Seq. ID No 71-148, 162-198.
23. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 22, mit mindestens 80%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
24. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 22, mit mindestens 90%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
25. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No 71-148, 162-198, als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Brustkrebs.
26. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No 2-67, 149-161, 201-202 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Brustkrebs verwendet werden können.
27. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 2-67, 149-161, 201-202 in sense oder antisense Form.
28. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No 71-148, 162-198 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung des Brustkrebses.
29. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No 71-148, 162-198, zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung des Brustkrebses.
30. Arzneimittel, enthaltend mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No 71-148, 162-198.

31. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine genomische Sequenz ist.
32. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine mRNA-Sequenz ist.
33. Genomische Gene, ihre Promotoren, Enhancer, Silencer, Exonstruktur, Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No 2-67, 149-161, 201-202.
34. Verwendung der genomischen Gene gemäß Anspruch 33, zusammen mit geeigneten regulativen Elementen.
35. Verwendung gemäß Anspruch 34, dadurch gekennzeichnet, daß das regulative Element ein geeigneter Promotor und/ oder Enhancer ist.
36. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 450 bis 3500 bp aufweist.

Systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank

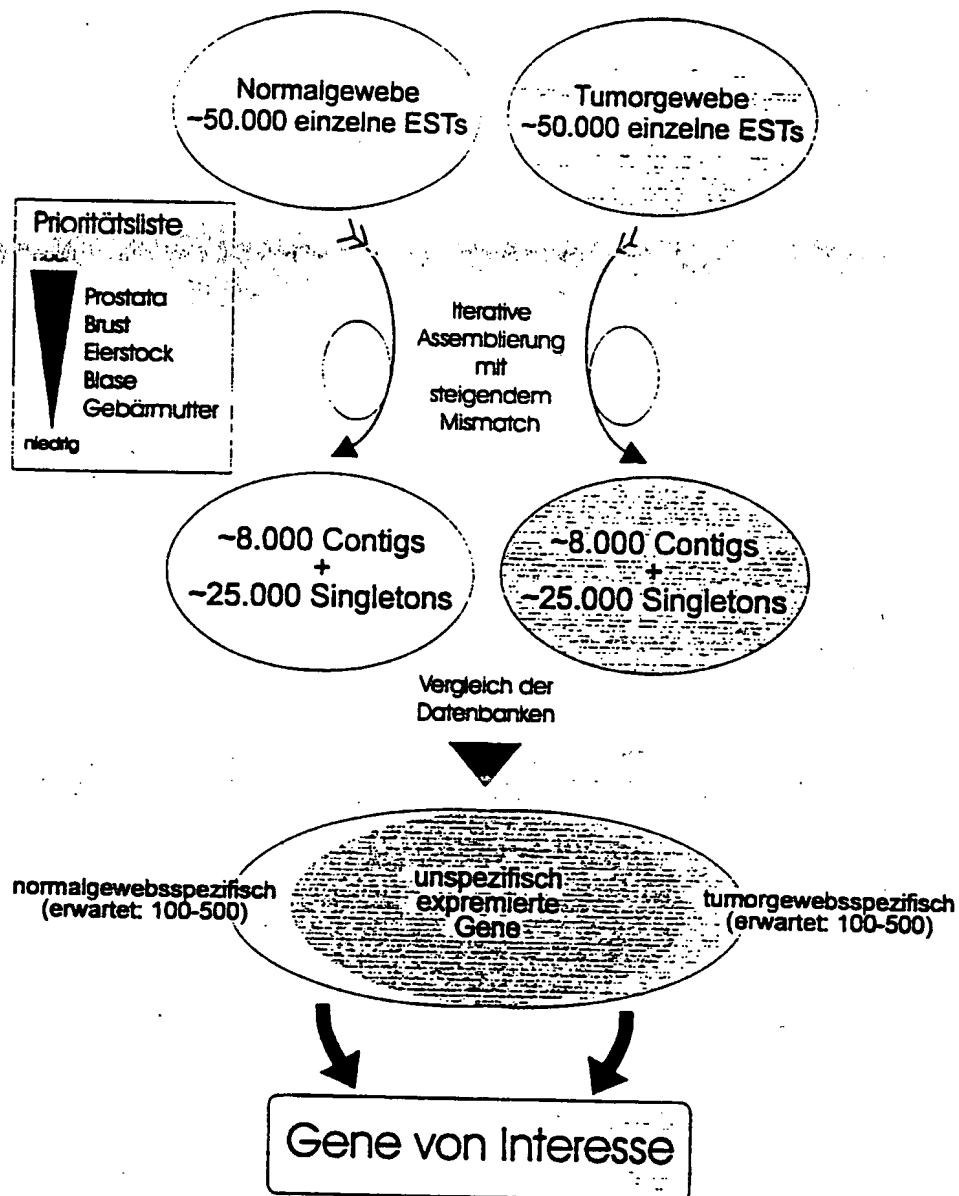


Fig. 1

Prinzip der EST-Assemblierung

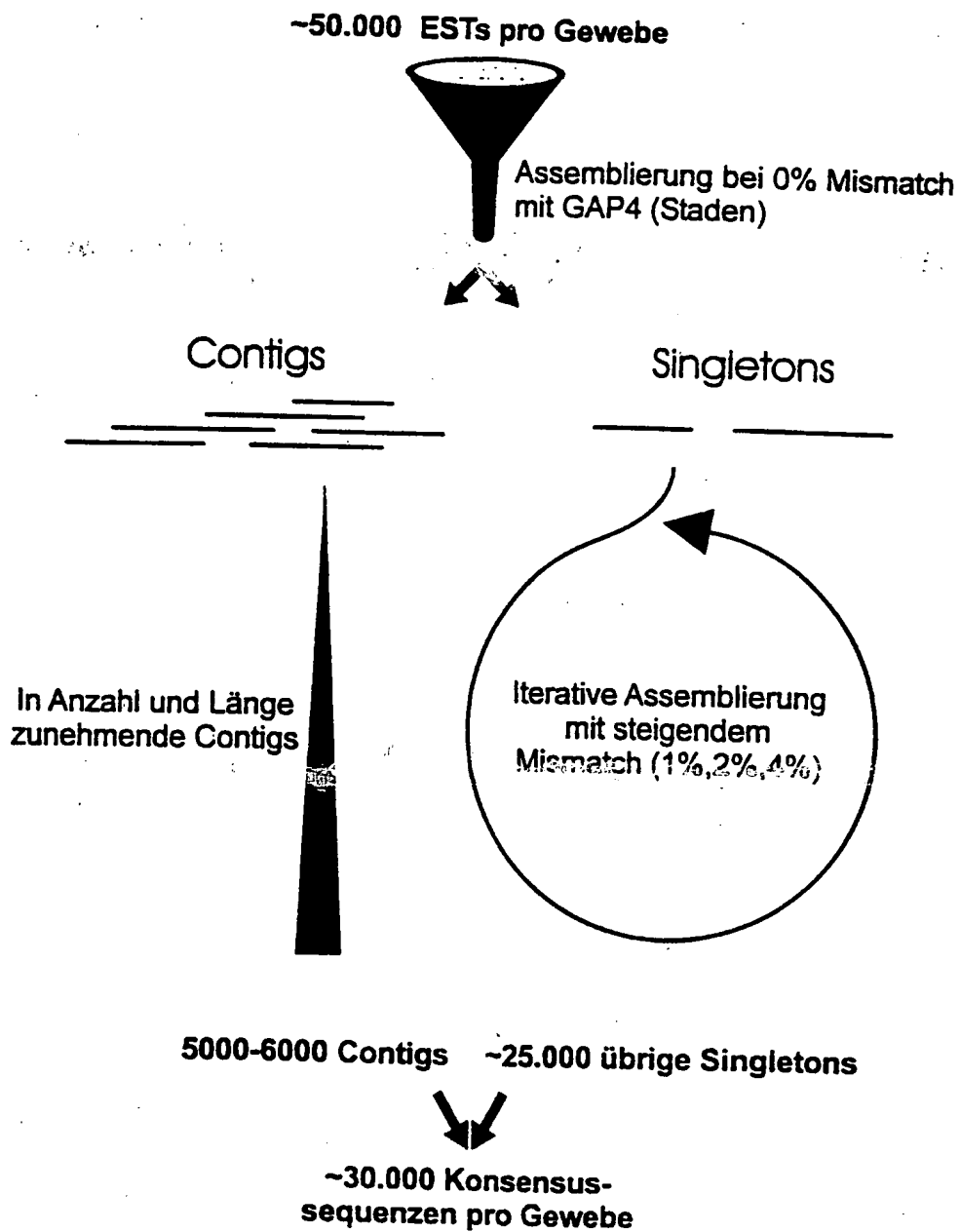


Fig. 2a

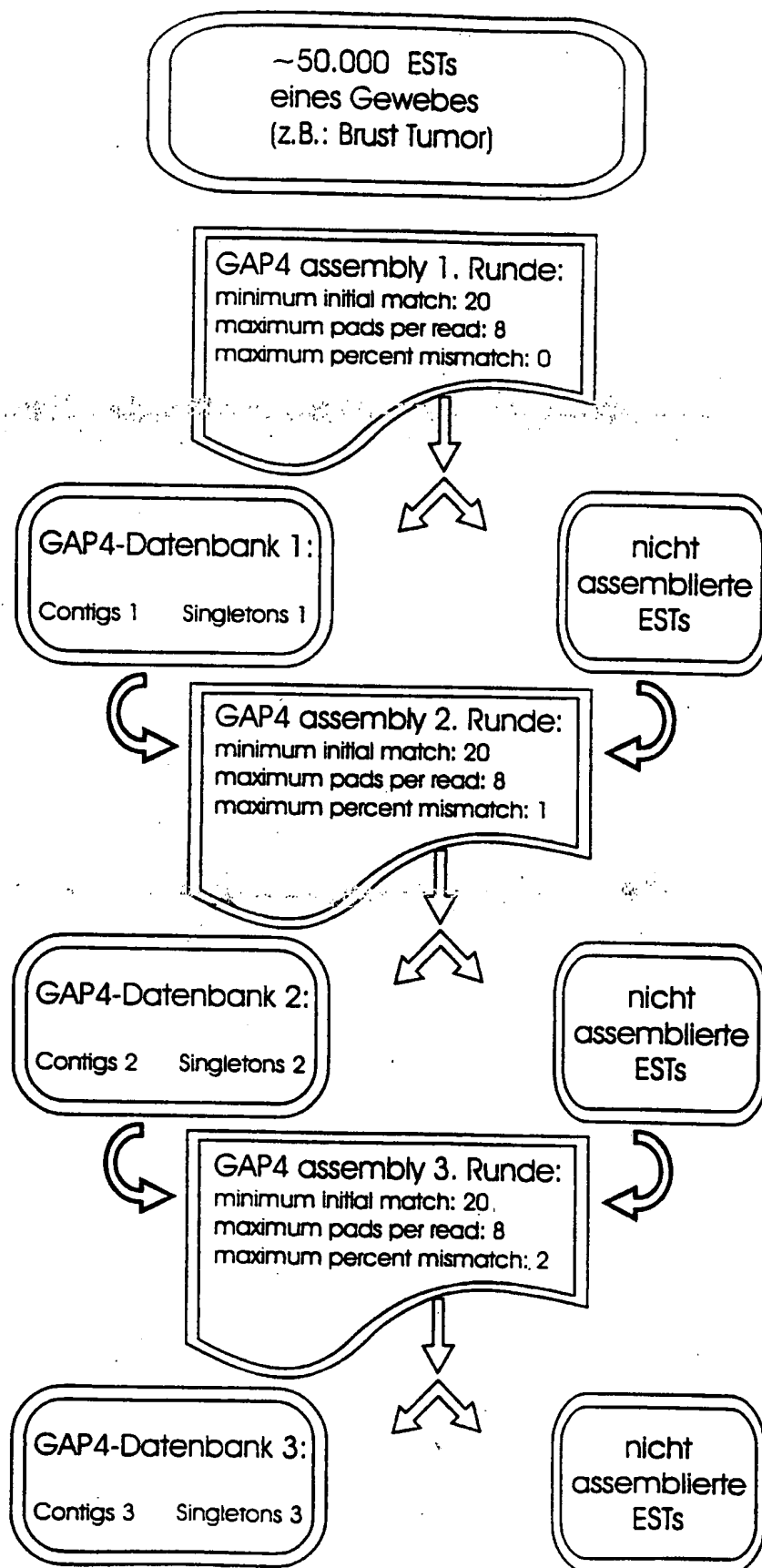


Fig. 2b1

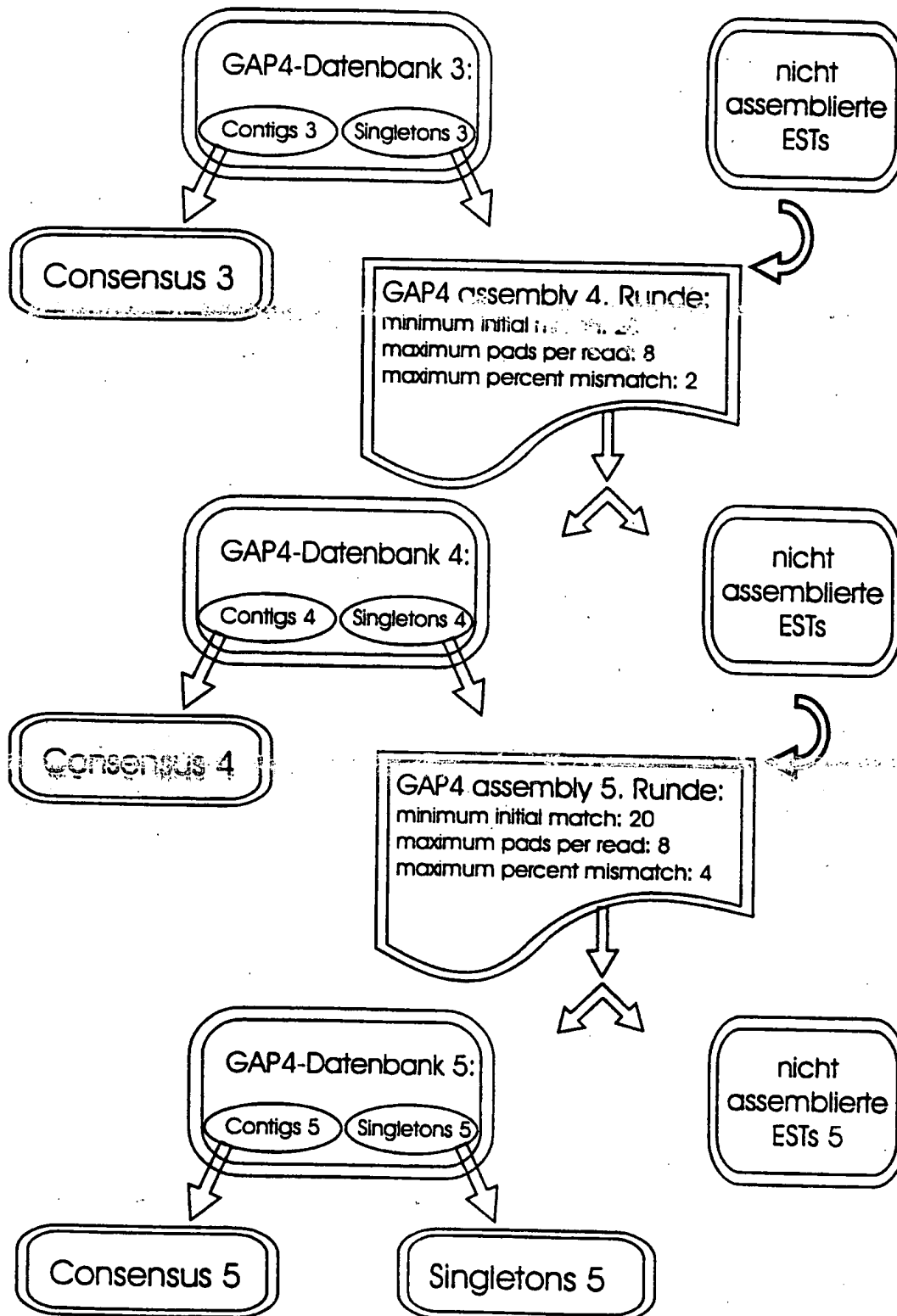


Fig. 2b2

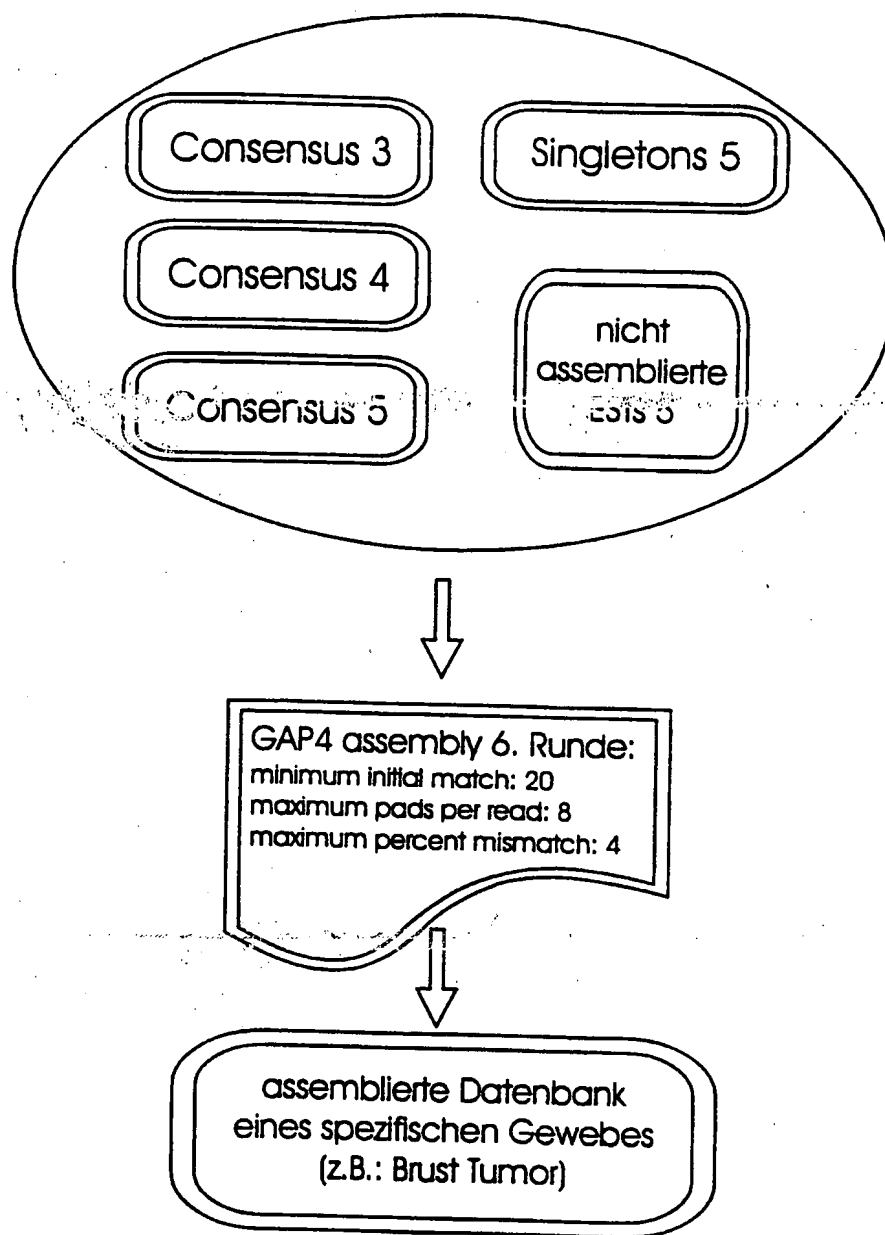


Fig. 2b3

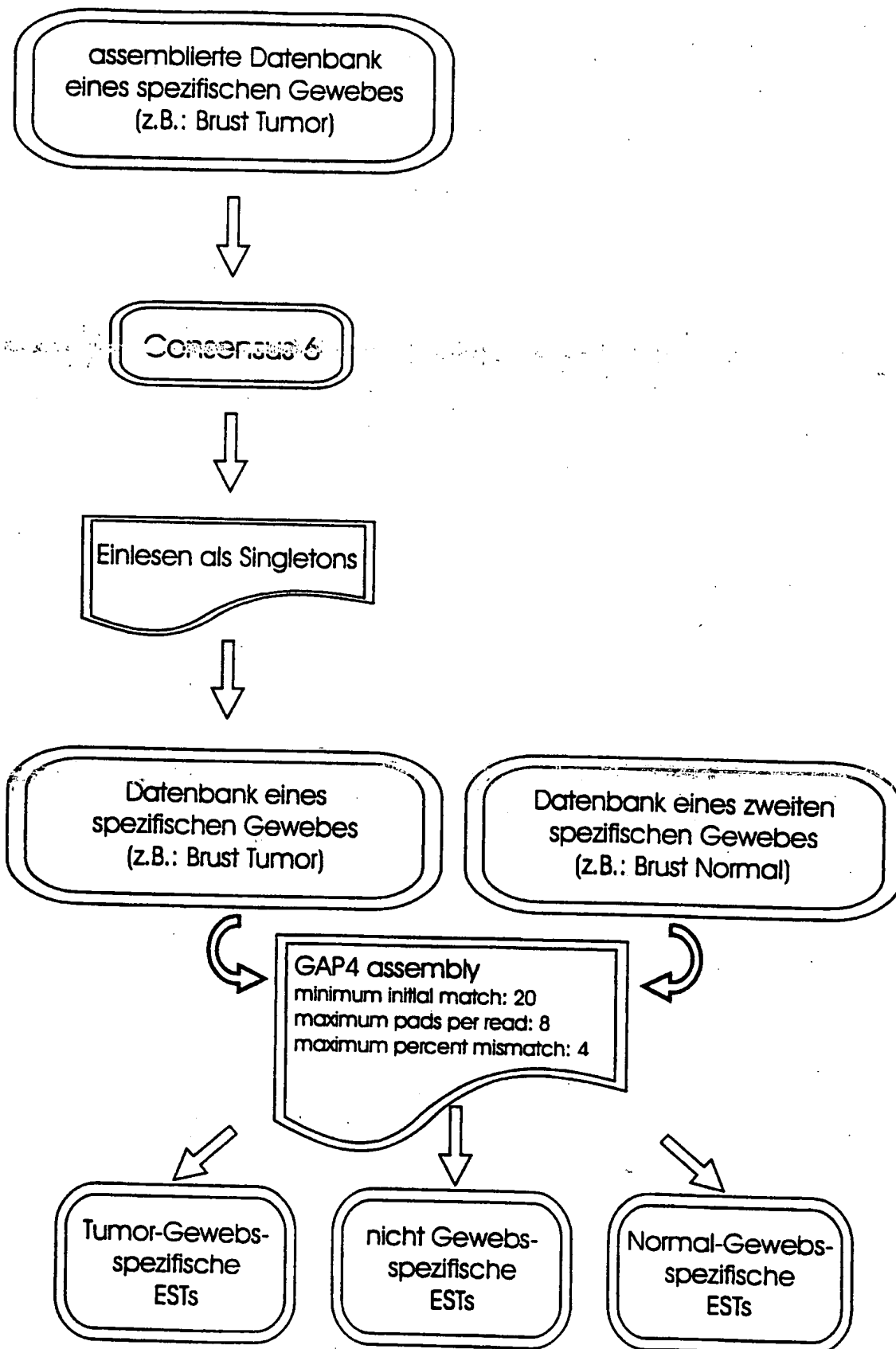


Fig. 2b4

In silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben

~30.000 Konsensussequenzen
Normalgewebe

~30.000 Konsensussequenzen
Krebsgewebe

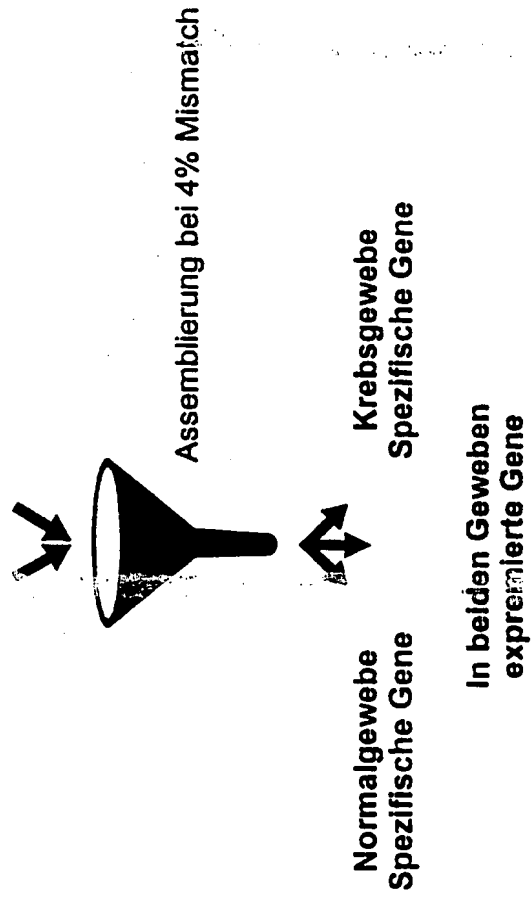


Fig. 3

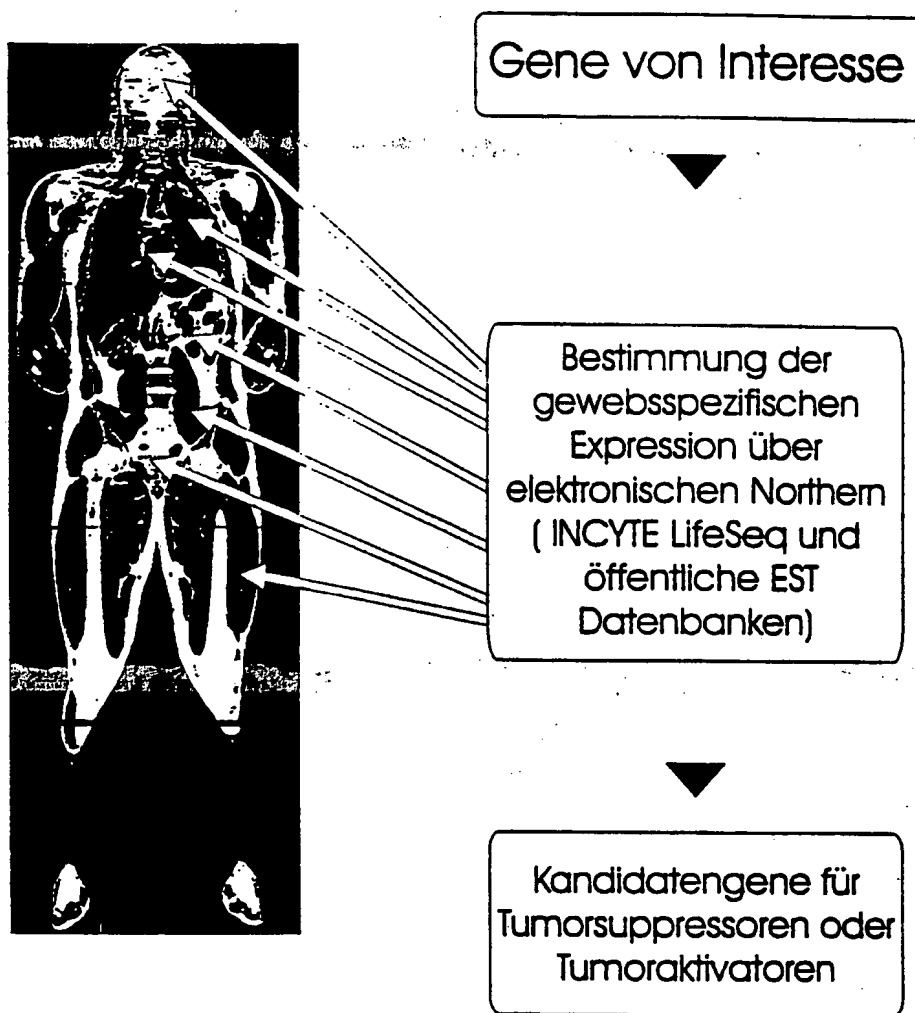


Fig. 4a

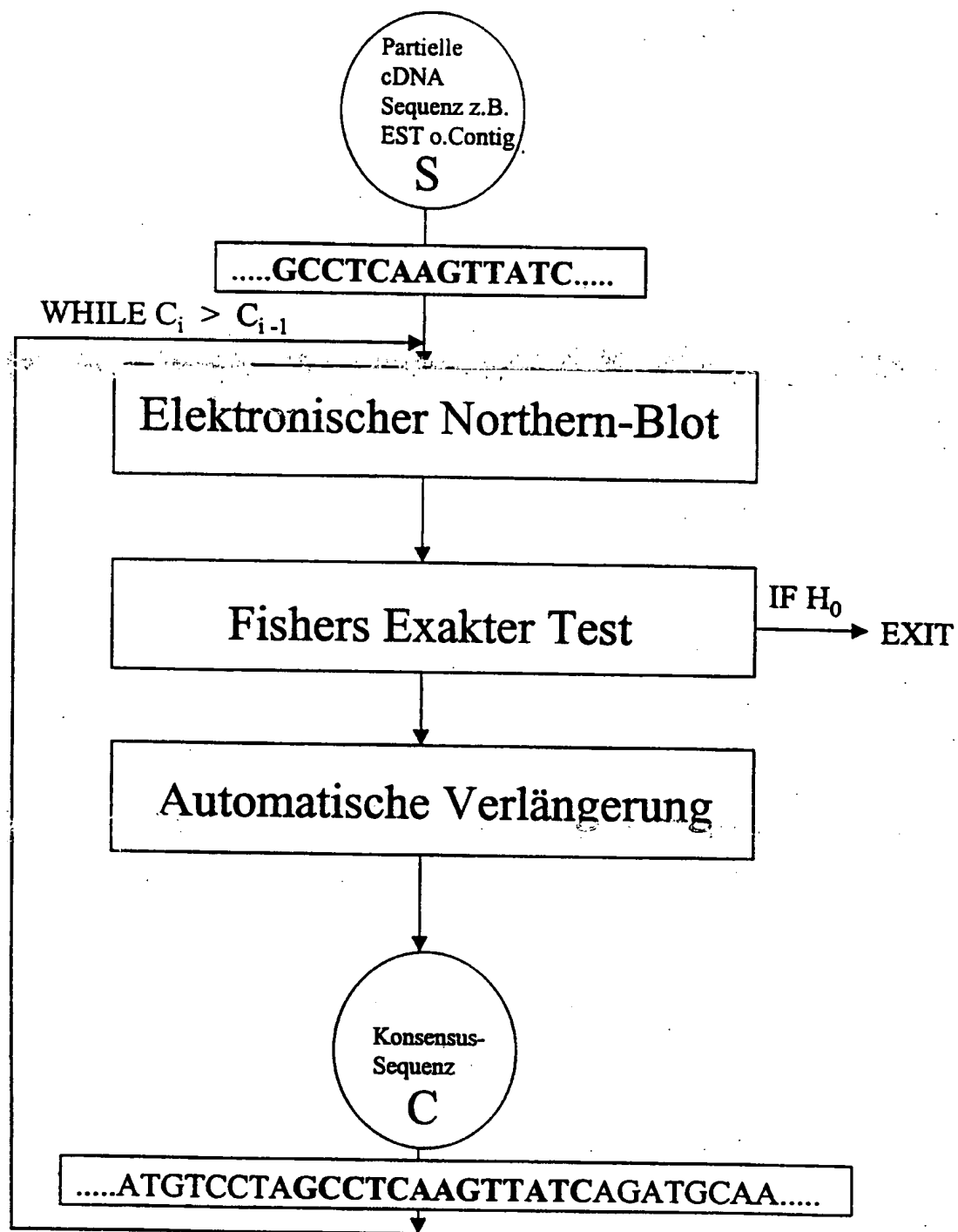


Fig. 4b

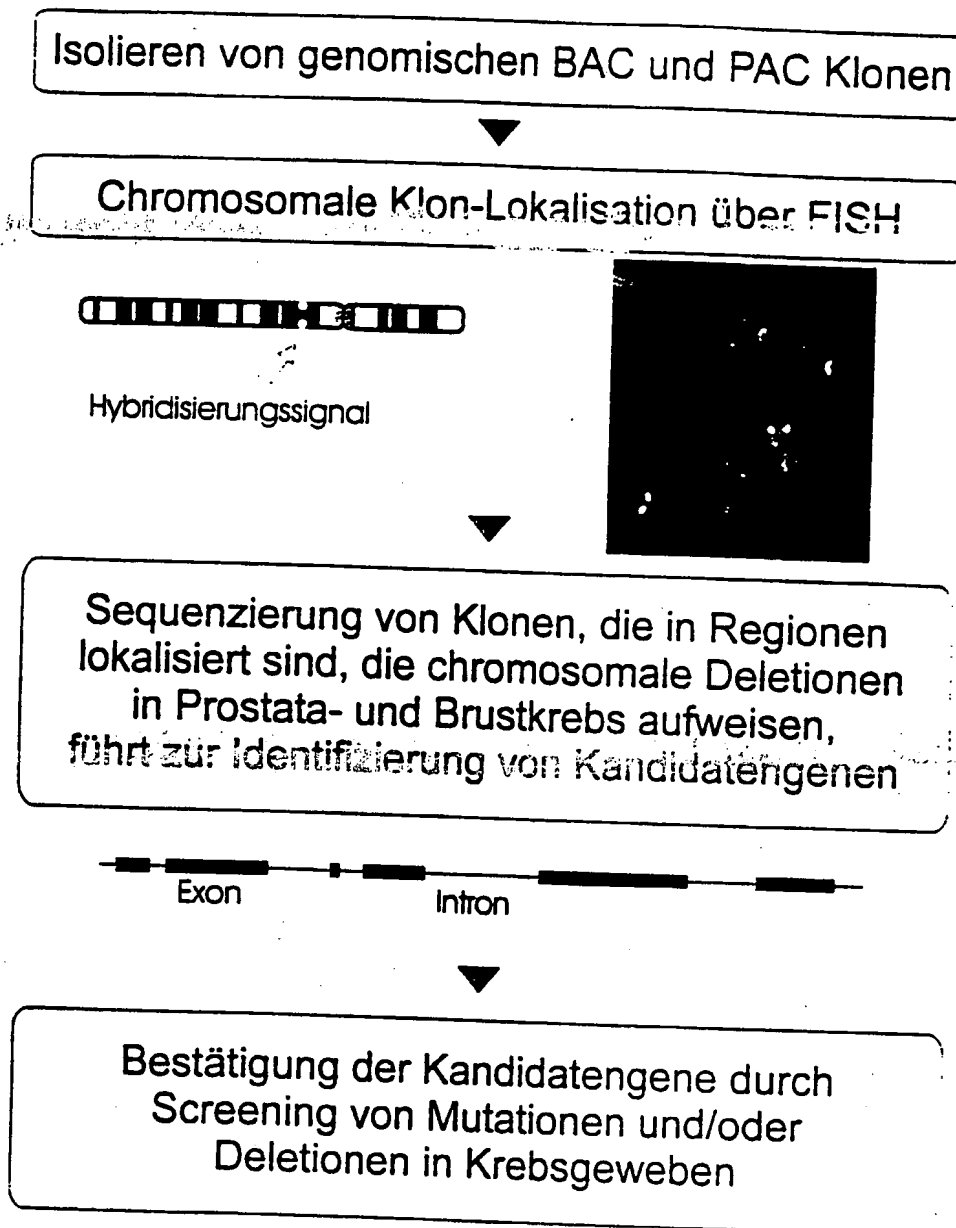


Fig. 5

HPS Trailer Page
for
WEST

UserID: rdeberry

Printer: rem_04c70_gbuqptr

Summary

<u>Document</u>	<u>Pages</u>	<u>Printed</u>	<u>Missed</u>	<u>Copies</u>
WO009947669A2	232	232	0	1
Total (1)	232	232	0	-